

JP9-56382-A

**MACHINE-ASSISTED TRANSLATION (MAT):**

(19)【発行国】 日本国特許庁 (J P)	(19)[ISSUING COUNTRY] Japan Patent Office (JP)
(12)【公報種別】 公開特許公報 (A)	(12)[GAZETTE CATEGORY] Laid-open Kokai Patent (A)
(11)【公開番号】 特開平 9-56382	(11)[KOKAI NUMBER] Unexamined Japanese Patent Heisei 9-56382
(43)【公開日】 平成 9 年 (1 9 9 7) 3 月 4 日	(43)[DATE OF FIRST PUBLICATION] March 4 (1997. 3.4), Heisei 9
(54)【発明の名称】 植物の形態形成を制御するタンパク質をコードする遺伝子	(54)[TITLE OF THE INVENTION] The gene which codes the protein which controls the morphogenesis of a plant
(51)【国際特許分類第 6 版】 C12N 15/09 ZNA A01H 5/00 ZNA C12N 5/10	(51)[IPC 6] C12N 15/09 ZNA A01H 5/00 ZNA C12N 5/10
【 F I 】 C12N 15/00 ZNA A 9162-4B A01H 5/00 ZNAA C12N 5/00 C	【 FI 】 C12N 15/00 ZNAA 9162-4B A01H 5/00 ZNAA C12N 5/00 C
【審査請求】 未請求	[REQUEST FOR EXAMINATION] No
【請求項の数】 6	[NUMBER OF CLAIMS] 6
【出願形態】 O L	[FORM OF APPLICATION] Electronic

【全頁数】 17	[NUMBER OF PAGES] 17
(21) 【出願番号】 特願平 7-216187	(21)[APPLICATION NUMBER] Japanese Patent Application Heisei 7-216187
(22) 【出願日】 平成 7 年 (1 9 9 5) 8 月 2 4 日	(22)[DATE OF FILING] August 24 (1995. 8.24), Heisei 7
(71) 【出願人】	(71)[PATENTEE/ASSIGNEE]
【識別番号】 591178012	[ID CODE] 591178012
【氏名又は名称】 財団法人地球環境産業技術研究機構	[NAME OR APPELLATION] Chikyu Kankyo Sangyo Gijutsu Kenkyu Kiko
【住所又は居所】 京都府相楽郡木津町木津川台 9 丁目 2 番地	[ADDRESS OR DOMICILE]
(71) 【出願人】	(71)[PATENTEE/ASSIGNEE]
【識別番号】 591068458	[ID CODE] 591068458
【氏名又は名称】 株式会社三井業際植物バイオ研究所	[NAME OR APPELLATION] Mitsui Gyosai Shokubutsu Bio Kenkyusho KK
【住所又は居所】 東京都港区赤坂 2 - 5 - 2 7 八千代ビル 4 F	[ADDRESS OR DOMICILE]

(72) 【発明者】**(72)[INVENTOR]****【氏名】**

光川 典宏

[NAME OR APPELLATION]

Mitsukawa, Norihiro

【住所又は居所】

茨城県つくば市千現 2-1-6
つくば研究支援センターD-6
株式会社三井業際植物バイオ研
究所内

[ADDRESS OR DOMICILE]**(72) 【発明者】****(72)[INVENTOR]****【氏名】**

ロバート エフ. ウィッティ
ア

[NAME OR APPELLATION]

Robert F. Whittier

【住所又は居所】

茨城県つくば市千現 2-1-6
つくば研究支援センターD-6
株式会社三井業際植物バイオ研
究所内

[ADDRESS OR DOMICILE]**(74) 【代理人】****(74)[AGENT]****【弁理士】****[PATENT ATTORNEY]****【氏名又は名称】**

遠山 勉 (外 2 名)

[NAME OR APPELLATION]

Toyama, Tsutomu (and 2 others)

(57) 【要約】**(57)[ABSTRACT OF THE DISCLOSURE]****【課題】**

植物の形態形成を制御する遺
伝子を取得し、これを用いて植
物の形態を制御する。

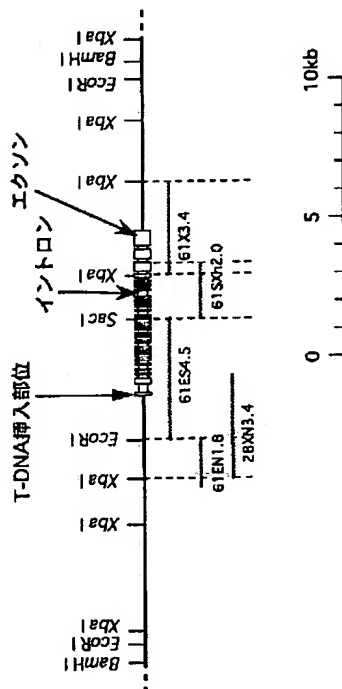
[SUBJECT OF THE INVENTION]

It acquires the gene which controls the
morphogenesis of a plant, and controls the form
of a plant using this.

[PROBLEM TO BE SOLVED]

植物の形態形成を制御する活性を有し、配列番号 1 に示すアミノ酸配列又はこのアミノ酸配列において植物の形態形成を制御する活性に影響を与えない 1 又は 2 以上のアミノ酸残基の置換、欠失あるいは挿入を有するアミノ酸配列を含むタンパク質をコードする遺伝子、あるいはこの遺伝子に対するアンチセンス RNA を発現する DNA で植物を形質転換する。

It has the activity which controls the morphogenesis of a plant, it transforms a plant by substitution of one or two or more amino acid residue which does not affect the activity which controls the morphogenesis of a plant in the amino acid sequence shown in sequence number 1 or this amino acid sequence, the gene which codes protein including the amino acid sequence which has deletion or insertion, or DNA which expresses the antisense RNA to this gene.



T-DNA 插入部位: T-DNA inserting portion

イントロン: Intron

エクソン: Exon

【特許請求の範囲】**[CLAIMS]****【請求項 1】**

植物の形態形成を制御する活性を有し、配列番号 1 に示すアミノ酸配列又はこのアミノ酸配列において植物の形態形成を制御する活性に影響を与えない 1 又は 2 以上のアミノ酸残基の置換、欠失あるいは挿入を有するアミノ酸配列を含むタンパク質をコードする DNA。

[CLAIM 1]

DNA which has the activity which controls the morphogenesis of a plant, and codes protein including the amino acid sequence shown in sequence number 1 or the amino acid sequence and has the substitution, deletion, or insertion of one or two or more amino acid residue which does not affect the activity which controls the morphogenesis of a plant in this amino acid sequence.

【請求項 2】

請求項 1 記載の DNA の発現を抑制するアンチセンス RNA をコードする DNA。

[CLAIM 2]

DNA which codes the antisense RNA which controls the expression of DNA of Claim 1.

【請求項 3】

配列番号 1 記載の塩基配列の少なくとも一部に実質的に相補的な塩基配列を有する請求項 2 記載の DNA。

[CLAIM 3]

DNA of Claim 2 which has a substantially complementary base sequence in at least one part of the base sequence of sequence number 1.

【請求項 4】

請求項 1 記載の DNA で形質転換された植物体。

[CLAIM 4]

The plant body transformed by DNA of Claim 1.

【請求項 5】

請求項 2 または 3 記載の DNA で形質転換された植物体。

[CLAIM 5]

The plant body transformed by DNA of Claim 2 or 3.

【請求項 6】

請求項 1 記載の DNA の発現を制御する DNA であって、配

[CLAIM 6]

It is DNA which controls the expression of DNA of Claim 1, comprised such that DNA which has

列番号 2 の塩基番号 1 ～ 1 7 5 2 で表される配列の少なくとも一部を有する DNA。 at least one part of the sequence expressed with the base number 1-1752 of sequence number 2.

【発明の詳細な説明】**[DETAILED DESCRIPTION OF THE INVENTION]****【 0 0 0 1 】****[0001]****【発明の属する技術分野】****[TECHNICAL FIELD OF THE INVENTION]**

本発明は、植物の生態形成を制御する遺伝子 DNA と、その遺伝子に対するアンチセンス RNA をコードする DNA、並びにこれらの DNA で形質転換された植物体に関し、植物の茎の長さ、および花序形態を調節する技術を提供するものである。 This invention relates to the plant body transformed by gene DNA which controls ecology formation of a plant, DNA which codes the antisense RNA with respect to the gene, and these DNA, it offers the technique of adjusting the length and the inflorescence form of a stalk of a plant.

【 0 0 0 2 】**[0002]****【従来の技術】****[PRIOR ART]**

植物形態は、遺伝的要因と環境要因によって影響されと考えられている。従来、茎の長さの短い植物や花序形態が変化した植物を作出する方法の一つとして、遺伝的にそれらの形態が異なる植物と交配することにより有用品種の形態を変える方法があるが、親品種よりも性状の優れた個体を安定して得ることは困難である。 It is thought that the plant form is influenced by the genetic factor and an environmental factor. There is a method of changing the form of the useful race by crossing with the plant which differs in those form hereditarily as one of the procedure of formerly producing a plant with the short length of a stalk, and the plant from which the inflorescence form varied. However, it is difficult to obtain the solid which excelled the parent race in quality by being stabilized.

【 0 0 0 3 】**[0003]**

また、自然突然変異や突然変異 Moreover, it is although variation takes place to

誘発処理により形態に影響を与える遺伝子に変異が起こり、その遺伝子機能が低下することによって形態変化を示す個体を選抜することも可能であるが、有用遺伝形質を保持したまま、特定の形態形成を制御する遺伝子だけに変異が発生した個体を任意に作出することは非常に困難である。

【0004】

そこで植物の形態形成を制御する遺伝子を単離することができれば、該遺伝子に対するアンチセンスRNAを発現するように組み込んだベクター（アンチセンスRNA発現ベクター）で植物を形質転換することにより、茎の長さが短くなった植物を作出することが可能になると考えられる。

【0005】

シロイヌナズナ（アラビドプシス・サリアナ（*Arabidopsis thaliana*））は、栄養期（vegetative stage）から再生期（reproductive stage）への転移に花芽の伸長を伴い、蕾の生成及びそれに続く節間（internode）の伸長は強く連携しており、厳密に順序づけられた分枝様式（highly ordered branching pattern）を示す。シロイヌナズナの標準的なエコタイプ（ecotype）として知られて

the gene which affects the form by the natural mutation or mutagenesis processing and the solid which shows a form variation when the gene function falls can also be selected, it is very difficult to produce as desired the solid which variation generated only in the gene which controls a specific morphogenesis, with the useful inherited character conserved.

[0004]

Then, it is if the gene which controls the morphogenesis of a plant can be isolated, by transforming a plant by the vector (antisense RNA expression vector) integrated so that the antisense RNA with respect to this gene might be expressed, the length of a stalk is considered to become possible to produce the plant which became short.

[0005]

Arabidopsis thaliana (*Arabidopsis thaliana*), the elongation between the nodes (internode) which follow the transition to a regeneration stage (reproductive stage) from a nutrition term (vegetative stage) with an elongation of a floral bud at formation and it of the bud is strongly in cooperation, the branch method (highly ordered branching pattern) which was able to be strictly set in order is shown.
Landsberg erecta (Ransburg erector) strain known as standard ecotype (ecotype) of an

いる Landsberg erecta (ランズバーク・エレクタ) 株は、内因性エレクタ (erecta: わい化) 変異を保持しており、異なる花芽構造を示す。頂部に花が密生するコンパクトな花芽を形成する。変異は、多面発現的 (pleiotropic) であり、円形の葉と短く平坦な莢 (silique) を有する (以上、Huang, I. et al., (1991) U C L A キーストーンシンポジウムで発表された要旨)。

Arabidopsis thaliana conserves endogenous erector (erecta: dwarfing) variation, different floral-bud structure is shown.

It forms in a top part the compact floral bud in which a flower grows thick.

Variation is pleiotropy-like (pleiotropic).

It has a circular leaf and the short flat ellipsoid (silique) (summary announced above at Huang, I. et al. (1991), and the University of California at Los Angeles keystone symposium).

【0006】

また、Landsberg erecta 株の変異と同一遺伝子座の変異を有することが遺伝学的に知られているわい化変異体が取得されており、er-101 株、er-102 株及び er-103 株と命名されている。

[0006]

Moreover, the dwarfing variant by which having the variation of a Landsberg erecta strain and the variation of the same locus is known genetically is acquired, it is named er-101 strain, er-102 strain, and er-103 strain.

【0007】

【発明が解決しようとする課題】

上述したように、植物のわい化と特定の遺伝子との関係は、ある程度経験的に知られているが、その遺伝子自体は未だ取得されていない。

[0007]

[PROBLEM TO BE SOLVED BY THE INVENTION]

As above-mentioned, the concern between dwarfing of a plant and a specific gene is known somewhat experientially.

However, the gene itself is not yet acquired.

【0008】

本発明は、上記観点からなされたものであり、植物の形態形成を制御する遺伝子を提供するこ

[0008]

This invention was made from the above-mentioned viewpoint.

It makes into a subject to offer the gene which

とを課題とする。また、該遺伝子又は該遺伝子に対するアンチセンスRNAをコードするDNAで植物を形質転換し、形態形成を制御する遺伝子の発現を促進あるいは抑制することによって、茎の長さが長くなった植物又は茎の長さが短くなった植物、あるいは花序形態の変化した植物を提供することも課題としている。

【0009】

【課題を解決するための手段】
上記目的を達成するために、本発明者らはシロイヌナズナの染色体DNAから植物の形態形成を制御する遺伝子をクローニングし、該遺伝子を組み込んだアンチセンス発現ベクターを得た後、該ベクターDNAで形質転換した植物個体の形態が変化することを見だし、本発明を完成するに至った。

【0010】

すなわち本発明は、植物の形態形成を制御する活性を有し、配列番号1に示すアミノ酸配列又はこのアミノ酸配列において植物の形態形成を制御する活性に影響を与えない1又は2以上のアミノ酸残基の置換、欠失あるいは挿入を有するアミノ酸配列を含むタンパク質をコードする

controls the morphogenesis of a plant.

Moreover, it transforms a plant by DNA which codes this gene or the antisense RNA with respect to this gene, by promoting or controlling the expression of the gene which controls a morphogenesis, the length of the plant which the length of the stalk got long, or the stalk also makes it the subject to offer the plant which became short, or the plant from which the inflorescence form varied.

[0009]

[MEANS TO SOLVE THE PROBLEM]

In order to attain the above-mentioned objective, the present inventors clones the gene which controls the morphogenesis of a plant from the chromosomal DNA of an Arabidopsis thaliana, after obtaining the antisense expression vector incorporating this gene, it finds out that the form of a plant solid transformed by this vector DNA varies, and came to perfect this invention.

[0010]

That is, this invention has the activity which controls the morphogenesis of a plant, it is DNA which codes protein including the amino acid sequence which has the substitution, deletion, or insertion of the amino acid residue more than 1 or 2 which does not affect the activity which controls the morphogenesis of a plant in the amino acid sequence shown in sequence number 1, or this amino acid sequence.

DNAである。

【0011】

また本発明は、上記のDNAの発現を抑制するアンチセンスRNAをコードするDNAを提供する。このDNAとしては、配列番号1記載の塩基配列の少なくとも一部に実質的に相補的な塩基配列を有するDNAが挙げられる。

[0011]

Moreover, this invention offers DNA which codes the antisense RNA which controls the expression of above-mentioned DNA.

As this DNA, DNA which has a substantially complementary base sequence is mentioned to at least one part of the base sequence of sequence number 1.

【0012】

本発明はさらに、前記タンパク質をコードするDNAで形質転換された植物体、及び前記アンチセンスRNAをコードするDNAで形質転換された植物体を提供する。

[0012]

This invention offers the plant body further transformed by DNA which codes said protein, and the plant body transformed by DNA which codes said antisense RNA.

【0013】

本発明のDNAによりコードされるタンパク質は、形質の変化が著しい茎、花などでの発現量が多く、植物の形態形成の制御、特に茎の伸長に関わるタンパク質であり、このタンパク質をコードする遺伝子で植物を形質転換し、該遺伝子の発現量を増加させることによって、茎の伸長を促進できることが期待される。

[0013]

The protein coded by DNA of this invention has many expression levels in a stalk with a remarkable variation of a character, a flower, etc., and is protein in connection with control of the morphogenesis of a plant, especially an elongation of a stalk.

It transforms a plant with the gene which codes this protein, it is anticipated by making the expression level of this gene increase that it can promote an elongation of a stalk.

【0014】

一方、前記アンチセンスRNAをコードするDNA、すなわち

[0014]

It is anticipated by on the other hand transforming a plant by DNA which codes said

植物の形態形成の制御に関する遺伝子の発現を抑制するDNAで植物を形質転換することにより、形質転換植物の茎の伸長を抑制することができることが期待される。

【0015】

尚、本明細書において、「染色体DNA」及び「染色体遺伝子」は、植物細胞の核染色体に含まれるDNA及びこのDNA上に存在する遺伝子をいう。また、本発明により提供される植物の形態形成の制御に関する遺伝子を、「形態制御遺伝子」または「本発明の遺伝子」ということがある。

【0016】**【発明の実施の形態】**

以下、本発明の実施の形態を説明する。本発明の遺伝子は、例えば、形態形成の制御に関する変異を有する植物体から、その表現形質変異に関わる変異遺伝子を単離することにより取得することができる。さらに、得られた変異遺伝子の塩基配列に基づいて作製したオリゴヌクレオチドをプローブとするハイブリダイゼーション、あるいは変異遺伝子の塩基配列に基づいて作製した1対のオリゴヌクレオチドをプライマーとするPCR

antisense RNA, i.e., DNA which controls the expression of the gene about control of the morphogenesis of a plant, that it can control an elongation of the stalk of a transforming plant.

[0015]

In addition, in this specification, a "chromosomal DNA" and a "chromosome gene" say DNA contained in the discharge-printing color object of a plant cell, and the gene which exists on this DNA.

Moreover, the gene about control of the morphogenesis of the plant offered by this invention may be called a "form regulatory gene" or "gene of this invention."

[0016]**[EMBODIMENT OF THE INVENTION]**

Hereafter, it demonstrates Embodiment of this invention.

The gene of this invention is acquirable from the plant body which has the variation about control of a morphogenesis by isolating the variation gene in connection with the phenotype variation, for example.

Furthermore, hybridization which uses the oligonucleotide produced based on the base sequence of the obtained variation gene as a probe, or a wild-type gene is acquirable from the chromosomal DNA of a wild-type plant with PCR (Polymerase Chain Reaction) which makes a primer one pair of oligonucleotide

(ポリメラーゼ・チェイン・リアクション)により、野生型植物の染色体DNAから野生型遺伝子を取得することができる。

produced based on the base sequence of a variation gene.

【0017】

形態形成の制御に関する変異を有する植物体の作製、この変異体からの本発明の遺伝子の単離法、及び本発明の遺伝子の利用法を詳細に説明する。尚、DNAの切断、連結、形質転換、遺伝子の塩基配列の決定、ハイブリダイゼーション等一般の遺伝子組換えに必要な方法は、各操作に使用する市販の酵素等に添付されている説明書や、Molecular cloning (Maniatis T. et al. Cold Spring Harbor Laboratory Press)に記載されている。

[0017]

It demonstrates in detail production of a plant body which has the variation about control of a morphogenesis, the method of isolating the gene of this invention from this variant, and the directions of the gene of this invention.

In addition, general procedure required gene recombinant, such as cutting of DNA, connection, transforming, a decision of the base sequence of a gene, and hybridization, it is indicated to the description attached to the enzyme of marketing which it uses for each operation etc., and Molecular cloning (Maniatis T. et al. Cold Spring Harbor Laboratory Press).

【0018】

<1>植物の形態形成を制御する遺伝子の単離・同定

(1) 形態形成の制御に関する変異を有する植物体の作製

植物、例えばシロイヌナズナの形態形成を制御する遺伝子に変異を起こさせるには、外来遺伝子を植物細胞に導入し、染色体DNAに挿入させることによって、挿入部位の遺伝子を破壊する変異誘発法(遺伝子破壊)を用いる。適用できる遺伝子導入法としては、アグロバクテリウ

[0018]

An isolation and identification of the gene which controls the morphogenesis of a <1> plant

(1) Production of plant body which has variation about control of morphogenesis

In order to make the gene which controls the morphogenesis of a plant, for example, an *Arabidopsis thaliana*, cause variation, it transduces a foreign gene into a plant cell, by making it insert in a chromosomal DNA, it uses the mutagenesis method (gene disruption) which destroys the gene of the insertion site.

As an applicable gene-transfer method, the procedure of using an *Agrobacterium*, the

ムを用いる方法や、植物プロトプラスト細胞に対するエレクトロポレーション法、ポリエチレングリコール法、マイクロインジェクション法などが挙げられる。これらの方法のうち、シロイヌナズナに対しては形質転換効率の高さと、遺伝子導入による変異以外の変異の誘起が少ない点から、アグロバクテリウムを用いる方法が有効である。

【0019】

ここでは、バイナリーベクター系（植物細胞にDNA導入可能なT-DNA、大腸菌などの微生物で機能可能な複製起点、及び好ましくは植物細胞または微生物細胞の選択用のマーカー遺伝子を含むベクター系）を用いたアグロバクテリウム感染法によって外来遺伝子を植物細胞に導入し、形態形成を制御する遺伝子に関する変異植物を作製する方法を示す。

【0020】

シロイヌナズナ (*Arabidopsis thaliana*) の野生株に、Tiプラスミド由来のバイナリーベクター（マーカーとして、例えばハイグロマイシン耐性遺伝子及びアンピシリン耐性遺伝子を有する）を、インプラント (in planta) アグロバクテリウム感染法 (Chang S.S., Park S.K. et al.

electroporation method with respect to the plant protoplast cell, the polyethyleneglycol method, the microinjection method, etc. are mentioned.

The procedure an induction of the height of transforming effectiveness and variation other than the variation by a gene transfer uses an *Agrobacterium* from few points to an *Arabidopsis thaliana* among these procedure are effective.

[0019]

Here, it is a binary vector type (T-DNA which can carry out a DNA transduction at a plant cell).

It transduces a foreign gene into a plant cell by the *Agrobacterium* infecting method using the replication starting point which can function by microorganisms, such as an *Escherichia coli*, and the vector type which preferably contains the marker gene for a choice of a plant cell or the microorganisms cell, how to produce the variation plant about the gene which controls a morphogenesis is shown.

[0020]

To the wild strain of an *Arabidopsis thaliana* (*Arabidopsis thaliana*), it is a binary vector derived from a tumor inducing plasmid (as a marker, for example, it has a hygromycin resistant gene and an ampicillin-resistance gene)

You make it infected by the implanter (in planta) *Agrobacterium* infecting method (Chang S.S., Park S.K. et al. *Plant J.* 5, No. 4 (1994)) etc.

Plant J. 5, No.4(1994)) などにより感染させ、約6週間育成後に採種する。得られた種子をハイグロマイシンを含む寒天培地に播種し、生育させる。ハイグロマイシン耐性を示す形質転換植物をロックウールに移植して育成し、茎の伸長状態が野生型植物に比べて異なる変異体(erecta 変異体)を視覚的に選択する。

It gathers the seeds after about six-week raising.

It seeds the obtained seed to the agar containing a hygromycin, it makes it grow.

It transplants to rock wool the transforming plant in which hygromycin resistance is shown, and raises it, the elongation state of a stalk chooses visually different variant (erecta variant) compared with a wild-type plant.

【0021】

こうして得られる変異体は、植物の形態形成を制御する遺伝子にバイナリーベクターが挿入することによって変異している可能性が高い。

[0021]

The variant obtained by carrying out like this has high possibility of having varied when a binary vector inserts in the gene which controls the morphogenesis of a plant.

【0022】

(2) 形態遺伝子の変異遺伝子の単離

上記のようにして得られる形態の変化した変異体から、その変異に関わる変異遺伝子を、いわゆるプラスミドレスキュー法を用いて単離する。すなわち、変異植物体から Cell, 35 (1983) p.35 記載の方法等で染色体DNAを調製して制限酵素で切断し、セルフライゲーションにより分子内の末端同士を連結する。得られた環状DNAが、染色体に挿入されたバイナリーベクターを含んでいれば、このDNA分子は大腸菌細胞で自律複

[0022]

(2) Isolation of variation gene of form gene

From the variant from which the form obtained by performing it above varied, it isolates the variation gene in connection with the variation what is called using a plasmid rescue method.

That is, it prepares a chromosomal DNA by Cell, the procedure of 35 (1983) p.35, etc. from a variation plant body, and cuts by a restriction enzyme, it connects intramolecular terminal by self ligation.

If the obtained circular DNA contains the binary vector inserted in the chromosome, this DNA molecule will function as a plasmid which can carry out autonomous reproduction in the Escherichia-coli cell, a transformed body shows marker medicine (for example, ampicillin)

製可能なプラスミドとして機能し、形質転換体はマーカー薬剤（例えばアンピシリン）耐性を示す。

【0023】

上記環状DNAで大腸菌を形質転換し、マーカー薬剤に耐性な形質転換体から組換えプラスミドDNAを回収することによって、バイナリーベクターと共に形態制御遺伝子を含む染色体DNA断片を得ることができる。

【0024】

あるいは、変異植物体から染色体DNAを調製し、適当な制限酵素で切断した後にプラスミドあるいはファージベクターに連結し、これで大腸菌を形質転換することにより染色体ライブラリーを作製する。このライブラリーからT-DNA等をプローブとしてクローンを選抜することによっても、変異遺伝子断片を有するクローンを選択することができる。

【0025】

(3) 形態制御遺伝子の野生型遺伝子の単離
野生型のシロイヌナズナから、P1ファージベクター等を用いて染色体DNAライブラリーを作製し、上記のようにして得られる変異遺伝子断片をプローブ

resistance.

[0023]

It transforms an Escherichia coli by the above-mentioned circular DNA, by collecting recombinant plasmid DNA from a resistant transformed body to a marker medicine, it can obtain the chromosomal DNA fragment which contains a form regulatory gene with a binary vector.

[0024]

Or it prepares a chromosomal DNA from a variation plant body, it connects with a plasmid or a phage vector, after cutting by a suitable restriction enzyme, it produces a chromosome library by transforming an Escherichia coli now. Also by selecting a clone by using T-DNA etc. as a probe from this library, it can choose the clone which has a variation gene fragment.

[0025]

(3) Isolation of wild-type gene of form regulatory gene
From the Arabidopsis thaliana of a wild type, it produces a chromosomal DNA library using P1 phage vector etc., by the hybridization which uses the variation gene fragment obtained by performing it above as a probe, it can isolate the

とするハイブリダイゼーションによって、形態制御遺伝子の野生型遺伝子を単離することが出来る。また、変異遺伝子の塩基配列に基づいてプライマーを製作し、PCRにより野生型植物の染色体DNAから野生型遺伝子を増幅することによっても、本発明の遺伝子を取得することができる。

【0026】

後記実施例で得られたシロイヌナズナの形態制御遺伝子を含むDNA断片の塩基配列を、配列表配列番号2に示す。この遺伝子は、27個のエクソン(exon)と26個のイントロン(intron)を含んでいる。

【0027】

上記のように、本発明の遺伝子は多数のイントロンを含んでいる。エクソン部分、すなわち植物の形態形成を制御するタンパク質をコードするDNAを得るには、形態制御遺伝子のcDNAを単離すればよい。cDNAライブラリーは、シロイヌナズナの地上部組織からmRNAを抽出し、逆転写酵素を用いてcDNAを合成し、ポリメラーゼ反応によって2本鎖化したものをベクターに挿入し、大腸菌等を形質転換することにより作製することができる。cDNAク

wild-type gene of a form regulatory gene.

Moreover, based on the base sequence of a variation gene, it produces a primer, also by amplifying a wild-type gene from the chromosomal DNA of a wild-type plant by PCR, the gene of this invention is acquirable.

[0026]

The base sequence of the DNA fragment containing the form regulatory gene of the *Arabidopsis thaliana* obtained in the after-mentioned Example is shown in sequence-table sequence number 2.

This gene contains 27 exon (exon) and the 26 introns (intron).

[0027]

As mentioned above, the gene of this invention contains many introns.

What is sufficient is just to isolate cDNA of a form regulatory gene, in order to obtain the exon part, i.e., DNA which codes the protein which controls the morphogenesis of a plant.

A cDNA library extracts mRNA from the above-ground-part organization of an *Arabidopsis thaliana*, it compounds cDNA using a reverse transcriptase, it inserts in a vector what was double-strand-ized according to polymerase reaction, it is producible by transforming an *Escherichia coli* etc.

Since the cDNA cloning kit is marketed, it is sufficient to use these.

ローニングキットが市販されているのでこれらを使用してもよい。得られた cDNA ライブラリーから、染色体遺伝子をプローブとして形態制御遺伝子 cDNA クローンを得る。

【0028】

上記のようにして後記実施例で得られた cDNA の塩基配列、及びこの塩基配列から推定されるアミノ酸配列を、配列表配列番号 1 に示す。この遺伝子の翻訳産物は、Nature、345 (1990) p.743 に記載されている RLK5 と相同性を示した。この RLK5 遺伝子は、細胞膜上に存在するレセプター様のプロテインキナーゼとして単離されたが、既知のプロテインキナーゼ遺伝子の塩基配列との相同性により単離されたもので、その遺伝子や翻訳産物の機能などは全く不明である。この RLK5 遺伝子の発現パターンは、形態形成の制御に関する遺伝子とは異なり、地上部だけでなく、根でも発現しており機能的には両者は異なった遺伝子であると考えられる。

【0029】

< 2 > 形態制御遺伝子の利用
本発明の遺伝子は、植物の形態形成の制御、特に茎の伸長に関わる遺伝子であり、この遺伝子で植物を形質転換し、該遺伝子

It obtains a form regulatory-gene cDNA clone from the obtained cDNA library by using a chromosome gene as a probe.

[0028]

The base sequence of cDNA obtained in the after-mentioned Example as mentioned above and the amino acid sequence presumed from this base sequence are shown in sequence-table sequence number 1.

The translation production of this gene showed RLK5 and homology which are indicated to Nature and 345(1990) p.743.

This RLK5 gene was isolated as a protein kinase like a receptor which exists on a cytoplasmic membrane.

However, homology with the base sequence of a known protein-kinase gene isolated, and the gene, function of a translation production, etc. are completely unknown.

The expression pattern of this RLK5 gene differs from the gene about control of a morphogenesis, it expresses not only by an above-ground part but by the root, and both are functionally considered to be a different gene.

[0029]

Utilization of a <2> form regulatory gene

The gene of this invention is a gene in connection with control of the morphogenesis of a plant, especially an elongation of a stalk.

It transforms a plant with this gene, it is

の発現量を増加させることによって、茎の伸長を促進できることが期待される。

【0030】

本発明の遺伝子を用いて植物を形質転換するには、エレクトロポレーション（電氣的穿孔法）あるいはアグロバクテリウムのTiプラスミドを利用する方法などの方法によって、プロトプラストにDNAを導入すればよい。その際、本発明の遺伝子としては、染色体遺伝子を用いてもよいし、mRNAから調製したcDNAを用いてもよい。

【0031】

一方、本発明の遺伝子の発現を抑制するアンチセンスRNA、すなわち形態制御遺伝子から転写されるmRNAの全長又はその少なくとも一部に相補的な配列を有するRNA、を発現するDNAで植物を形質転換することにより、形質転換植物の茎の伸長を抑制することができることが期待される。

【0032】

アンチセンスRNAを発現するDNAは、アンチセンス鎖（センス鎖(コード鎖)に相補的な塩基配列を有する鎖）又は少なくともその一部をプロモーターの下流に連結することにより得ら

anticipated by making the expression level of this gene increase that it can promote an elongation of a stalk.

[0030]

What is sufficient is just to transduce DNA into a protoplast by procedure, such as procedure of utilizing the tumor inducing plasmid of electroporation (the electric drilling method) or an Agrobacterium, in order to transform a plant using the gene of this invention.

In that case, as a gene of this invention, it may use a chromosome gene and may use cDNA prepared from mRNA.

[0031]

RNA which has a complementary sequence on the other hand in the full length of the antisense RNA which controls the expression of the gene of this invention, i.e., mRNA transferred from a form regulatory gene, or its at least one part, by transforming a plant by expressing DNA, it is anticipated that it can control an elongation of the stalk of a transforming plant.

[0032]

DNA which expresses an antisense RNA is obtained by connecting an antisense strand (strand which has a complementary base sequence in a sense strand (coding strand)), or an at least one part of that downstream from a promoter.

れる。言い換えれば、コード鎖又はその少なくとも一部と相同な配列を含む2本鎖DNAを、本来の転写の向きと逆向きにしてプロモーターの下流に連結することにより得られる。尚、アンチセンス鎖も、染色体DNAあるいはcDNAから得られるが、染色体DNAを用いる場合にはイントロンは本発明遺伝子の発現を抑制する機能を果たすことが期待できないので、エクソン部分を用いることが好ましい。また、アンチセンス鎖の少なくとも一部としては、コード領域、5' 非翻訳領域又は3' 非翻訳領域のいずれも使用し得る。さらに、アンチセンスRNAをコードするDNAは、3' 非翻訳領域に加え、mRNAの3' 末端に付加されるポリA鎖に相補的なポリdUをコードする配列を含んでいてもよい。

【0033】

本発明に使用し得るプロモーターとしては、CaMV 35Sプロモーター等が挙げられる。アンチセンスRNAをコードするDNAで植物を形質転換するで植物を形質転換するには、本発明の遺伝子で形質転換するのと同様にすればよい。

【0034】

さらに、本発明の遺伝子のコー

In other words, it is obtained by making into the direction and reverse direction of original transfer double-strand DNA including a sequence homologous to the coding strand or its at least one part, and connecting it downstream from a promoter.

In addition, an antisense strand is also obtained from a chromosomal DNA or cDNA.

However, when using a chromosomal DNA, since the intron cannot anticipate achieving the function which controls the expression of this invention gene, it is desirable to use the exon part.

Moreover, as at least one part of an antisense strand, it can use either a coding region 5' untranslated region or 3' untranslated region.

Furthermore, in addition to 3' untranslated region, DNA which codes an antisense RNA may include the sequence which codes complementary poly dU in the poly A chain added to 3' terminal of mRNA.

[0033]

CaMV 35S promoter etc. is mentioned as a promoter who can use it for this invention.

In order to transforms a plant by DNA which codes an antisense RNA, it is sufficient is to make it similar with transforming with the gene of this invention.

[0034]

Furthermore, upstream of the coding region of

ド領域の上流には、本発明の遺伝子の発現を制御する領域が含まれる。この領域としては、配列番号2の塩基番号1～1752で表される配列の少なくとも一部を含む領域、より具体的には塩基番号396～1752の領域が挙げられる。この領域は、植物細胞において遺伝子の発現制御に利用することができることが期待される。

the gene of this invention, the region which controls the expression of the gene of this invention is included.

The region which contains at least one part of the sequence expressed with the base number 1-1752 of sequence number 2 as this region, the region of the base number 396-1752 is mentioned more specifically.

It is anticipated that this region will be applicable to expression control of a gene in a plant cell.

【0035】

[0035]

【実施例】

以下に、本発明を実施例によりさらに具体的に説明する。

(1) 形態形成の制御に関する変異体植物の作製

シロイヌナズナ (アラビドプシス) エコタイプ WS

(Wassilewskija, LEHLE SEEDS 社より購入) 株に、Tiプラスミド由来のバイナリーベクター (ハイグロマイシン耐性遺伝子及びアンピシリン耐性遺伝子を有し、大腸菌細胞内で自律複製可能) である pGDW32 を持つアグロバクテリウム EHA101 株 (Agrobacterium tumefaciens) を、インプラント (in planta) アグロバクテリウム感染法 (Chang S.S., Park S.K. et al. Plant J. 5, No.4(1994)) により感染させた。

[EXAMPLES]

Below, an Example demonstrates this invention still more concretely.

(1) Production of variant plant about control of morphogenesis

It infected 101 strain of Agrobacterium EHA with pGDW32 (Agrobacterium tumefaciens) which is a binary vector (having a hygromycin resistant gene and an ampicillin-resistance gene and autonomous duplication is possible in an Escherichia coli intracellular) derived from a tumor inducing plasmid to an Arabidopsis-thaliana (Arabidopsis) ecotype WS strain (purchased from LEHLE SEEDS Co. Wassilewskija) by the implanter (in planta) Agrobacterium infecting method (Chang S.S., Park S.K. et al. Plant J. 5, No. 4 (1994)).

【0036】

具体的には、以下のようにして行った。pGDW32を導入したアグロバクテリウムを、抗生物質（ハイグロマイシン）を含むLB液体培地で一晚増殖させた。この培養液10 μ lをGamborg's B5培地（ショ糖2%を含み、pH5.5）190 μ lに希釈（1/20）した。播種から19～23日後、抽台を始めたばかりの生育段階でアグロバクテリウム処理を行った。

【0037】

伸び始めたばかりの花茎をその基部において11号メスを用いて切り取り、26G \times 1/2サイズの注射針を用いて切り口からロゼット茎の中央部を貫通させた。この傷口にアグロバクテリウム希釈液1 μ lを注入した。この間、照度を3000～4000ルクスにした。接種3日後に植物をロックファイバーのミニポットに移植し、その後は通常の栽培を行った。接種から約6週間後、早く形成された約半分の莢から種子を収穫した。

【0038】

得られた種子を、10 μ g/mlのハイグロマイシンを含むB5寒天培地に播種し、温度22 $^{\circ}$ C、湿度30-40%、照度6000-12000ル

[0036]

Specifically, it carried out as follows.

It proliferated the Agrobacterium which transduced pGDW32 overnight by LB broth containing antibiotics (hygromycin).

It diluted this culture-solution 10 microliter to Gamborg's B5 medium (2% of sucrose is included and it is pH5.5) 190 microliter (1/20).

It performed Agrobacterium processing 19-23 days afterward from seeding in the growth phase which just began the bolting.

[0037]

In the base, it cut off the scape which just began to be extended using the No. 11 scalpel, and penetrated the center section of the rosette stalk from the cut end using the injection needle of 26G*1/2 size.

It implanted Agrobacterium dilution-liquid 1 microliter into this wound.

In the meantime, illumination intensity was 3000 - 4000 luxs.

It transplants a plant to the mini pot of a lock fiber three days after a vaccination, it performed the usual cultivation after that.

It harvested the seed from the ellipsoid of the about half formed early about six weeks after the vaccination.

[0038]

It seeds the obtained seed to B5 agar containing a 10 microgram/ml hygromycin, it made it grow the optical period of the light period 12 hour /, and dark period 12 hours

クスの照明下で、明期 12 時間/暗期 12 時間の光周期で生育させた。栄養素は 1/1000 に希釈した HYPONeX (村上物産 (株) 製) を用いた。ハイグロマイシン耐性を示す pGDW32 の T-DNA 挿入配列を持つ形質転換植物をロックウールに移植して育成し、T4 種子 (第 4 世代の種子) を採取した。この際、視覚的に検索を行い、茎の伸長状態が野生型植物に比べて異なる変異体を得た。

under the temperature of 22 degrees C, humidity 30-40 %, and illumination with an illumination intensity of 6000 - 12000 luxs.

The nutrient used HYPONeX (Make from village choice goods) diluted to 1/1000.

It transplants to rock wool a transforming plant with the T-DNA insertion sequence of pGDW32 which shows hygromycin resistance, and raises it, it collected T4 seed (a 4th generation's seed). Under the present circumstances, it performed the search visually and obtained the variant from which the elongation state of a stalk differs compared with a wild-type plant.

【0039】

(2) 変異遺伝子の単離

アラビドプシスのゲノム DNA を、Cell, 35 (1983) p.35 に記載の方法等により調製した。

[0039]

(2) Isolation of variation gene

It prepared the genome DNA of the Arabidopsis by the procedure of the statement etc. to Cell and 35 (1983) p.35.

【0040】

-80℃で凍結したアラビドプシス組織 (根) 5g を、乳鉢を用いて液体窒素中で微粉末になるまで粉砕し、これを 25ml の DNA 単離用バッファー (50mM Tris-HCl, pH7.5, 0.2M NaCl, 20mM EDTA-Na2, 2% N-ラウロイルサルコシンナトリウム塩, 3g/ml 尿素, 5% TE 飽和フェノール) を加えて攪拌し、25ml のフェノール/クロロホルムを加えた後、1.5ml の 10% SDS (ドデシル硫酸ナトリウム) を加えて 10 分間、室温で緩やかに攪拌した。これを 6000prm

[0040]

Arabidopsis organization (root) which froze in -80(degree C) It pulverizes 5 g until it becomes a fine powder in liquid nitrogen using a mortar, it is 25 ml about this. DNA It adds and agitates the buffer for isolation (50 mM Tris-HCl, pH7.5, 0.2M NaCl, and 20 mM EDTA-Na2, a 2% N-lauroyl sarcosine sodium salt, and 3 g/ml urea and 5% TE saturated phenol), 1.5 ml 10% SDS (sodium dodecyl sulfite) after adding a phenol/25 ml of chloroform In addition, it agitated gently at room temperature for 10 minutes.

After centrifuging this by 6000prm for 10 minutes and adding a phenol/25 ml of chloroform to an aqueous layer, it centrifuged

で 10 分遠心した後、水層に 25ml のフェノール/クロロホルムを加えた後、再度 6000prm で 10 分遠心した。この水層に 15ml のエタノールを加え、撹拌した後直ちに、6000prm で 10 分遠心した。上清を捨て、沈殿に 25ml の 70%エタノールを加えて、ボルテックスにより撹拌し、6000prm で 10 分遠心した後上清を捨て、減圧下で乾燥した。これを 400 μ l の TE, pH8.0 (10 μ g/ μ l RNase) に溶解した。

【0041】

上記のようにして、形態形成の制御に関する変異体から調製した 200 μ g の染色体 DNA を、続いて CsCl 超遠心法により精製した。このうち、1 μ g の染色体 DNA を EcoRI 又は XbaI で切断し、フェノール抽出、エタノール沈殿で制限酵素断片を精製した後、セルフライゲーションにより分子内の末端同士を連結し、得られた環状 DNA で大腸菌 (XL1-Blue MRF' (STRATAGENE 社から購入)) を形質転換した。その結果、約 1000 コロニーのアンピシリン耐性を示す形質転換株を得ることができた。得られた耐性コロニーからプラスミド DNA を抽出して解析を行った。

by 6000prm again for 10 minutes.

Immediately after adding and agitating 15 ml ethanol to this aqueous layer, it centrifuged by 6000prm for 10 minutes.

It throws away supernatant, it adds 25 ml 70% ethanol to precipitation, and agitates by a vortex, it threw away supernatant, after centrifuging by 6000prm for 10 minutes, and it dried under reduced pressure.

It dissolved this in TE of 400 microliter, and pH8.0 (10 microgram/microliter RNase).

[0041]

It performs it above, it prepared from the variant about control of a morphogenesis. Chromosomal DNA of 200 microgram It continues. CsCl It purified by the ultracentrifugal method.

Among these, 1 microgram Chromosome DNA It cuts by EcoRI or XbaI, after purifying a restriction enzyme fragment by phenol extraction and the ethanol precipitation, it connects intramolecular terminal by self ligation, it transformed the Escherichia coli (XL1-Blue MRF' (from STRATAGENE to purchasing)) by the obtained circular DNA.

As a result, it was able to obtain the transformant which shows the ampicillin resistance of about 1000 colonies.

It extracted plasmid DNA from the obtained resistant colony, and conducted the analysis.

【0042】

上記のようにしてレスキューされたプラスミドのうち、EcoRIで切断した DNA から得られたものを pREa 及び pREb、XbaIで切断した DNA から得られたものを pRXa 及び pRXb と命名した。

【0043】

(3) 変異遺伝子の単離

上記のようにしてレスキューされたプラスミドに含まれている染色体DNA断片をプローブとして、染色体DNAライブラリーからの変異遺伝子の単離を行った。P1ファージベクター (DU PONT 社から購入した) を用いて、The Plant Journal, 7 (1995) p.351 に記載の方法にしたがって、アラビドプシスエコタイプ コロンビア株の核DNAライブラリーを調製した。一方、上記 pRXb と pREa からそれぞれ調製した EcoRI-XbaI 断片を ³²P 標識し、これらをプローブとして、ブランクハイブリダイゼーションを行った。その結果、2つの陽性クローンが得られ、それぞれ 28D7、61H10 と命名した。これらのクローンの制限酵素地図の作製を行い、28D7 は約 25kb、61H10 は約 75kb のアラビドプシス染色体DNA由来の挿入断片を持つことがわかった (図

[0042]

It named what was obtained from DNA from which it cut what was obtained from DNA cut by EcoRI among the plasmids by which the rescue was carried out as mentioned above by pREa and pREb, and XbaI pRXa and pRXb.

[0043]

(3) Isolation of variation gene

It performed the isolation of the variation gene from a chromosomal DNA library by using as a probe the chromosomal DNA fragment contained in the plasmid by which the rescue was carried out as mentioned above.

It uses P1 phage vector (it purchased from DU PONT), and is The Plant Journal. It follows the procedure of 7 (1995) p.351 and is Arabidopsis ecotype. It prepared the nucleus DNA library of the Colombia strain.

On the other hand, it does the ³²P label of the EcoRI-XbaI fragment prepared from the above-mentioned pRXb and pREa, respectively, it performed the plaque hybridization by making these into a probe.

As a result, two positive clones are obtained, it named it 28D7 and 61H10, respectively.

It performed production of the restriction enzyme map of these clones, and it turned out that about 25 kb(s) and 61H10 have an insert derived from the Arabidopsis chromosomal DNA of about 75 kb(s) 28D7 (FIG. 1).

1)。

【0044】

さらに、塩基配列決定のために挿入DNA断片に含まれる変異遺伝子のサブクローニングを実施した。この際、T-DNAに隣接する配列の制限酵素地図と、挿入断片のサザン解析を実施し、挿入断片上のT-DNA挿入部位を推定した(図2)。この挿入部位の近傍の染色体DNA配列をBluescript II SK+にサブクローニングした。得られたサブクローンの挿入断片上の位置を図3に示す。

[0044]

Furthermore, it implemented subcloning of the variation gene contained in an insertion DNA fragment for a base-sequence decision.

Under the present circumstances, it implements the restriction enzyme map of the sequence which adjoins T-DNA, and Southern analysis of an insert, it presumed the T-DNA insertion site on an insert (FIG. 2).

It subcloned the chromosomal DNA sequence near this insertion site to Bluescript II SK+.

The position on the insert of the obtained subclone is shown in FIG. 3.

【0045】

(4) 形態形成の制御に関する遺伝子のcDNAクローンの単離
アラビドプシス エコタイプ
コロンビア株の地上部組織から
mRNAを調製し、Molecular
cloning (Sambrook, J., Fritsch,
E. F. and Maniatis, T. (1989), A
Laboratory Manual, second
edition, Cold Spring Harbor
Laboratory Press, Cold Spring
Harbor, NY) の方法によりcD
NAを調製し、λ YES

(CLONTECH 社から購入した)をベクターとしてcDNAライブラリーを作製した。一方、前記pRXbとpREaからT-DNAに隣接する配列を切り出し、これを³²P標識した。これらをプ

[0045]

(4) Isolation of cDNA clone of gene about control of morphogenesis

Arabidopsis ecotype It prepares mRNA from the above-ground-part organization of a Colombia strain, molecular cloning (Sambrook, J., Fritsch, E.F. and Maniatis, and T. (1989))

A Prepare cDNA by the procedure of Laboratory Manual, second edition, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, it produced the cDNA library by making (lambda) YES (it having purchased from CLONTECH) into a vector.

On the other hand, it cuts out the sequence which adjoins T-DNA from said pRXb and pREa, it did the ³²P label of this.

It performed the plaque hybridization for 300,000 plaques of a phage library by making these into a probe.

ローブとして、ファージライブラリーの 300,000 プラークを対象としてプラークハイブリダイゼーションを行った。こうして選択したプラスミドを pKUT161 とした。

【0046】

(5) 形態形成の制御に関する遺伝子の解析

pKUT161 に含まれる cDNA クローンと染色体遺伝子の塩基配列を決定した。cDNA の塩基配列及びこの配列から推定されるアミノ酸配列を配列表配列番号 1 に示す。また、染色体遺伝子を含む DNA 断片の塩基配列を配列番号 2 に示す。

【0047】

cDNA の塩基配列から推定されるアミノ酸配列の解析を行ったところ、この遺伝子の翻訳産物は、Nature、345 (1990) p.743 に記載されている RLK5 と相同性を示した。この RLK5 遺伝子は、細胞膜上に存在するレセプター様のプロテインキナーゼとして単離されたが、既知のプロテインキナーゼ遺伝子の塩基配列との相同性により単離されたもので、その遺伝子や翻訳産物の機能などは全く不明である。この RLK5 遺伝子の発現パター

In this way, it set the selected plasmid to pKUT161.

[0046]

(5) Analysis of gene about control of morphogenesis

It decided the base sequence of the cDNA clone contained in pKUT161, and a chromosome gene.

The base sequence of cDNA and the amino acid sequence presumed from this sequence are shown in sequence-table sequence number 1.

Moreover, the base sequence of the DNA fragment containing a chromosome gene is shown in sequence number 2.

[0047]

When the analysis of the amino acid sequence presumed from the base sequence of cDNA was conducted, the translation production of this gene showed RLK5 and homology which are indicated to Nature and 345(1990) p.743.

This RLK5 gene was isolated as a protein kinase like a receptor which exists on a cytoplasmic membrane.

However, homology with the base sequence of a known protein-kinase gene isolated, and the gene, function of a translation production, etc. are completely unknown.

The expression pattern of this RLK5 gene differs from the gene about control of a

ンは、形態形成の制御に関する遺伝子とは異なり、地上部だけでなく、根でも発現しており機能的には両者は異なった遺伝子であると考えられる。

【0048】

(6) 形態形成の制御に関する変異体の解析

前記(1)で得られた形態形成の制御に関する変異体は、茎の伸長状態から、Landsberg erecta 株のエレクタ変異と同一遺伝子座の変異であると考えられた。そこでまず、先の Landsberg erecta 株、er-103 株と本発明で単離した変異体の遺伝的な相補試験を行った。その結果これらの変異はすべて同一遺伝子座の変異に起因することが判明し、単離した変異体を er-104 株とした。

【0049】

Landsberg erecta 株、er-103 株から mRNA を単離し、RT-PCR (逆転写-PCR) 法で増幅した。すなわち、mRNA を鋳型とし、配列番号 4 に示す塩基配列を有するオリゴヌクレオチドをプライマーとして逆転写反応を行い、続いて得られた cDNA を鋳型とし、前記オリゴヌクレオチドを 3' 側プライマー及び配列番号 3 に示す塩基配列を有するオリゴヌクレオチ

morphogenesis, it expresses not only by an above-ground part but by the root, and both are functionally considered to be a different gene.

[0048]

(6) Analysis of variant about control of morphogenesis

The variant about control of the morphogenesis obtained in said (1) was considered to be the variation of the same locus as the erector variation of a Landsberg erecta strain from the elongation state of the stalk.

Then, it did first the hereditary complementary examination of the variant isolated by a previous Landsberg erecta strain, er-103 strain, and this invention.

It becomes clear that all of these variation originate in the variation of the same locus as a result, it made the isolated variant into er-104 strain.

[0049]

It isolates mRNA from a Landsberg erecta strain and er-103 strain, it amplified by the RT-PCR (reverse transcription-PCR) method.

That is, let mRNA be a casting mould, let cDNA which performed reverse transcription reaction and was obtained continuously be a casting mould by making into a primer the oligonucleotide which has a base sequence shown in sequence number 4, it used for the 5' side primer the oligonucleotide which has a base sequence which shows the 3' side primer and sequence number 3 said oligonucleotide,

ドを5'側プライマーに用いてPCR反応を行った。

【0050】

得られた増幅産物を鋳型とし、上記オリゴヌクレオチドプライマーを用いたダイレクトシーケンス法により、塩基配列を決定した。その結果、Landsberg erecta株では配列番号1の塩基番号2299番のTがAに置換したのに伴い、アミノ酸番号750番のイソロイシン残基がリジン残基に置換していた。er-103株では配列表配列番号1の塩基番号896番のGがAに置換することにより、アミノ酸番号282番のメチオニン残基がイソロイシン残基に置換していた。

【0051】

これら全ての変異体間で、形態形成の制御に関する遺伝子の塩基配列の一部が、アミノ酸配列の変化を引き起こす変異を持つことが判明し、この遺伝子が形態形成を制御する遺伝子（形態制御遺伝子）であることが同定できた。

【0052】

(7) 形態制御遺伝子の発現解析
上記のようにして単離されたcDNA、並びに染色体遺伝子が形態形成を制御する遺伝子であ

[0050]

Let the obtained amplified production be a casting mould, by the direct sequence method using the above-mentioned oligonucleotide primer, it decided the base sequence.

As a result, on the Landsberg erecta strain, the isoleucine residue of the amino acid number of No. 750 had replaced by the lysine residue in connection with T of the base number of No. 2299 of sequence number 1 having replaced by A.

In er-103 strain, when G of the base number of No. 896 of sequence-table sequence number 1 replaced by A, the methionine residue of the amino acid number of No. 282 had replaced by the isoleucine residue.

[0051]

It becomes clear that a part of base sequence of the gene about control of a morphogenesis has the variation which causes a variation of an amino acid sequence among all these variant, it has identified that this gene was a gene (form regulatory gene) which controls a morphogenesis.

[0052]

(7) Expression analysis of form regulatory gene
It made the comparative analysis of the expression-level analysis by each tissue of a variant plant, and the variation of the expression level of the gene between a wild-type plant and

ることを確認するもう一つの方法として、変異体植物の各組織での発現量分析、及び野生型植物と変異体植物の間での遺伝子の発現量の変化を、ノーザン分析により比較分析した。プローブにはcDNAクローンを用いた。Landsberg erecta 変異体と野生型植物の個体全体を用いたノーザン分析の結果から、形態制御遺伝子の発現(mRNAの生成)が、野生型植物では強く観察されるのに対して、変異体ではほとんど認められなかった。

【0053】

また、野生型植物の各組織での形態制御遺伝子の発現量分析を行った結果、変異体で形質の変化が著しい茎、花などでの発現量が多く、このことからこの遺伝子が茎の伸長に関わる遺伝子であることが確認された。

【0054】

さらに、上述したように、形態制御遺伝子の発現は部位及び時期特異的であるので、本発明の遺伝子の発現制御領域は、植物における外来遺伝子発現の制御に利用し得る。そのような発現制御領域としては、配列番号2の塩基番号1～1752で表される配列の少なくとも一部を含む領域、より具体的には塩基番

a variant plant by Northern analysis as another method of confirming that they are cDNA isolated as mentioned above and a gene by which a chromosome gene controls a morphogenesis.

It used the cDNA clone for the probe.

By the wild-type plant, to being observed strongly, the expression (formation of mRNA) of the form regulatory gene was almost accepted, and swarmed at the variant from the result of the Northern analysis using the Landsberg erecta variant and the whole solid of the wild-type plant.

[0053]

Moreover, it conducted the expression-level analysis of the form regulatory gene in each tissue of a wild-type plant.

There were many expression levels in a stalk with a remarkable variation of a character, a flower, etc. at the variant, and the result confirmed also from this that this gene was a gene in connection with an elongation of a stalk.

[0054]

Furthermore, as above-mentioned, since the expression of a form regulatory gene is as stage-specific as a part, the expression controlled domain of the gene of this invention is applicable to control of the foreign-gene expression in a plant.

The region which contains at least one part of the sequence expressed with the base number 1-1752 of sequence number 2 as such an expression controlled domain, the region of the

号 3 9 6 ~ 1 7 5 2 の領域が挙げられる。

base number 396-1752 is mentioned more specifically.

【 0 0 5 5 】

[0055]

【発明の効果】

本発明により、植物の形態形成を制御する遺伝子が提供される。この遺伝子の発現量を増やすことによって、茎の伸長を促進できることが期待される。また、この遺伝子に対するアンチセンスRNAを発現するDNA配列で植物を形質転換することにより、茎の伸長を抑制できることが期待される。

[ADVANTAGE OF THE INVENTION]

The gene which controls the morphogenesis of a plant by this invention is offered.

It is anticipated by increasing the expression level of this gene that it can promote an elongation of a stalk.

Moreover, it is anticipated by transforming a plant by the DNA sequence which expresses the antisense RNA with respect to this gene that it can control an elongation of a stalk.

【 0 0 5 6 】

[0056]

【配列表】

配列番号 : 1

配列の長さ : 3176

配列の型 : 核酸

[SEQUENCE TABLE]

Sequence number: 1

Sequence length: 3176

Sequence type: Nucleic acid

鎖の数 : 二本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : cDNA to mRNA

起源

The number of strands: It is double stranded.

Topology: Linear

Type of sequence: cDNA to mRNA

Origin

生物名 : シロイヌナズナ
(*Arabidopsis thaliana*)

株名 : コロンビア

配列の特徴 :

特徴を表す記号 : CDS

Organism name: *Arabidopsis thaliana*
(*Arabidopsis thaliana*)

Strain name: Colombia

Sequence characteristics :

Symbol showing the characteristics: CDS

存在位置 : 51..2978

Location: 51.2978

CTTTTAAAGT ATATCTAAAA CTTTTAAAGT ATATCTAAAA ACGCAGTCGT
 ACGCAGTCGT TTTAAGACTG TTTAAGACTG TGTGTGAGAA ATG GCT
 TGTGTGAGAA ATG GCT 56
 56 Met Ala
 1

Met Ala

1

CTG TTT AGA GAT ATT GTT CTG TTT AGA GAT ATT GTT CTT CTT GGG
 CTT CTT GGG TTT CTC TTC TTT CTC TTC TGC TTG AGC TTA 104
 TGC TTG AGC TTA 104 Leu Phe Arg Asp Ile Val Leu Leu Gly Phe Leu
 Leu Phe Arg Asp Ile Val Leu Phe Cys Leu Ser Leu
 Leu Gly Phe Leu Phe Cys Leu 5 10 15
 Ser Leu GTA GCT ACT GTG ACT TCA GAG GAG GGA
 GCAACG TTG CTG GAG ATT AAG 152

10

15

GTA GCT ACT GTG ACT TCA
 GAG GAG GGA GCA ACG
 TTG CTG GAG ATT AAG
 152

Val Ala Thr Val Thr Ser Glu Glu Val Ala Thr Val Thr Ser Glu Glu Gly Ala Thr Leu
 Gly Ala Thr Leu Leu Glu Ile Lys Leu Glu Ile Lys
 20 25 20 25
 30 30
 AAG TCA TTC AAA GAT GTG AAG TCA TTC AAA GAT GTG AAC AAT GTT
 AAC AAT GTT CTT TAT GAC CTT TAT GAC TGG ACAACT TCA 200
 TGG ACAACT TCA 200 Lys Ser Phe Lys Asp Val Asn Asn Val Leu Tyr
 Lys Ser Phe Lys Asp Val Asn Asp Trp Thr Thr Ser
 Asn Val Leu Tyr Asp Trp Thr
 Thr Ser

35

40 35

40

45

50

45

50

CCT TCT TCG GAT TAT TGT CCT TCT TCG GAT TAT TGT GTC TGG AGA

GTC TGG AGA GGT GTG TCT	GGT GTG TCT TGT GAA AAT GTC	248
TGT GAA AAT GTC	Pro Ser Ser Asp Tyr Cys Val Trp Arg Gly Val Ser	
Pro Ser Ser Asp Tyr Cys Val	Cys Glu Asn Val	
Trp Arg Gly Val Ser Cys Glu	55	60
Asn Val	65	

	55
60	65

ACC TTC AAT GTT GTT GCT	ACC TTC AAT GTT GTT GCT CTT AAT TTG	
CTT AAT TTG TCA GAT TTG	TCA GAT TTG AAT CTT GAT GGA	296
AAT CTT GAT GGA	Thr Phe Asn Val Val Ala Leu Asn Leu Ser Asp	
Thr Phe Asn Val Val Ala Leu	Leu Asn Leu Asp Gly	
Asn Leu Ser Asp Leu Asn Leu	70	75
Asp Gly	80	

	70	
75	80	
GAA ATC TCA CCT GCT ATT	GAA ATC TCA CCT GCT ATT GGA GAT CTC	
GGA GAT CTC AAG AGT CTC	AAG AGT CTC TTG TCA ATT GAT	344
TTG TCA ATT GAT		

Glu Ile Ser Pro Ala Ile Gly Asp	Glu Ile Ser Pro Ala Ile Gly Asp Leu Lys Ser Leu	
Leu Lys Ser Leu Leu Ser Ile	Leu Ser Ile Asp	
Asp	85	90
	85	95

90	95	
CTG CGA GGT AAT CGC TTG	CTG CGA GGT AAT CGC TTG TCT GGA CAA	
TCT GGA CAA ATC CCT GAT	ATC CCT GAT GAG ATT GGT GAC	392
GAG ATT GGT GAC	Leu Arg Gly Asn Arg Leu Ser Gly Gln Ile Pro	
	Asp Glu Ile Gly Asp	
Leu Arg Gly Asn Arg Leu Ser		
Gly Gln Ile Pro Asp Glu Ile Gly		
Asp		

100	105	100	105
110		110	
TGT TCT TCT TTG CAA AAC	TGT TCT TCT TTG CAA AAC TTA GAC TTA		
TTA GAC TTA TCC TTC AAT	TCC TTC AAT GAA TTA AGT GGT	440	

GAA TTA AGT GGT	440	Cys Ser Ser Leu Gln Asn Leu Asp Leu Ser Phe
Cys Ser Ser Leu Gln Asn Leu		Asn Glu Leu Ser Gly
Asp Leu Ser Phe Asn Glu Leu	115	120
Ser Gly	125	130
115	120	
125	130	

GAC ATA CCG TTT TCG ATT		GAC ATA CCG TTT TCG ATT TCG AAG TTG
TCG AAG TTG AAG CAA CTT		AAG CAA CTT GAG CAG CTG ATT
GAG CAG CTG ATT	488	488
Asp Ile Pro Phe Ser Ile Ser Lys		Asp Ile Pro Phe Ser Ile Ser Lys Leu Lys Gln Leu
Glu Gln Leu Ile		
Leu Lys Gln Leu Glu Gln Leu Ile	135	140
	135	145
140	145	CTG AAG AAT AAC CAA TTG ATA GGA CCG
CTG AAG AAT AAC CAA TTG		ATC CCT TCA ACA CTT TCA CAG
ATA GGA CCG ATC CCT TCA		536
ACA CTT TCA CAG	536	

Leu Lys Asn Asn Gln Leu Ile		Leu Lys Asn Asn Gln Leu Ile Gly Pro Ile Pro Ser
Gly Pro Ile Pro Ser Thr Leu Ser		Thr Leu Ser Gln
Gln		150
	150	160
155	160	ATT CCA AAC CTG AAA ATT CTG GAC TTG
ATT CCA AAC CTG AAA ATT		GCA CAG AAT AAA CTC AGT GGT
CTG GAC TTG GCA CAG AAT		584
AAA CTC AGT GGT	584	Ile Pro Asn Leu Lys Ile Leu Asp Leu Ala Gln Asn
Ile Pro Asn Leu Lys Ile Leu Asp		Lys Leu Ser Gly
Leu Ala Gln Asn Lys Leu Ser		
Gly		

	165	165	170
170	175	175	
GAG ATA CCA AGA CTT ATT		GAG ATA CCA AGA CTT ATT TAC TGG AAT	
TAC TGG AAT GAA GTT CTT		GAA GTT CTT CAG TAT CTT GGG	632
CAG TAT CTT GGG	632	Glu Ile Pro Arg Leu Ile Tyr Trp Asn Glu Val Leu	
Glu Ile Pro Arg Leu Ile Tyr Trp		Gln Tyr Leu Gly	

Asn Glu Val Leu Gln Tyr Leu	180	185
Gly	190	
180	185	
190		
TTG CGA GGA AAC AAC TTA	TTG CGA GGA AAC AAC TTA GTC GGT AAC	
GTC GGT AAC ATT TCT CCA	ATT TCT CCA GAT TTG TGT CAA	680
GAT TTG TGT CAA	680	Leu Arg Gly Asn Asn Leu Val Gly Asn Ile Ser
Leu Arg Gly Asn Asn Leu Val	Pro Asp Leu Cys Gln	
Gly Asn Ile Ser Pro Asp Leu	195	200
Cys Gln	205	210
195	200	CTG ACT GGT CTT TGG TAT TTT GAC GTA
205	210	AGAAAC AAC AGT TTG ACT GGT
		728
CTG ACT GGT CTT TGG TAT		
TTT GAC GTA AGA AAC AAC		
AGT TTG ACT GGT	728	
Leu Thr Gly Leu Trp Tyr Phe	Leu Thr Gly Leu Trp Tyr Phe Asp Val Arg Asn	
Asp Val Arg Asn Asn Ser Leu	Asn Ser Leu Thr Gly	
Thr Gly	215	220
	215	225
220	225	AGT ATA CCT GAG ACG ATA GGA AAT TGC
AGT ATA CCT GAG ACG ATA	ACT GCC TTC CAG GTT TTG GAC	776
GGA AAT TGC ACT GCC TTC	Ser Ile Pro Glu Thr Ile Gly Asn Cys Thr Ala Phe	
CAG GTT TTG GAC	776	Gln Val Leu Asp
Ser Ile Pro Glu Thr Ile Gly Asn		
Cys Thr Ala Phe Gln Val Leu		
Asp		
	230	235
235	240	240
TTG TCC TAC AAT CAG CTA	TTG TCC TAC AAT CAG CTA ACT GGT GAG	
ACT GGT GAG ATC CCT TTT	ATC CCT TTT GAC ATC GGC TTC	824
GAC ATC GGC TTC	824	Leu Ser Tyr Asn Gln Leu Thr Gly Glu Ile Pro
Leu Ser Tyr Asn Gln Leu Thr	Phe Asp Ile Gly Phe	
Gly Glu Ile Pro Phe Asp Ile Gly	245	250

Phe		255
	245	
250		255
CTG CAA GTT GCA ACA TTA	CTG CAA GTT GCA ACA TTA TCA TTG CAA	
TCA TTG CAA GGC AAT CAA	GGC AAT CAA CTC TCT GGG AAG	872
CTC TCT GGG AAG	Leu Gln Val Ala Thr Leu Ser Leu Gln Gly Asn	
Leu Gln Val Ala Thr Leu Ser	Gln Leu Ser Gly Lys	
Leu Gln Gly Asn Gln Leu Ser		265
Gly Lys		270
260	265	ATT CCA TCA GTG ATT GGT CTC ATG CAA
270		GCC CTT GCA GTC TTA GAT CTA
		920
ATT CCA TCA GTG ATT GGT		
CTC ATG CAA GCC CTT GCA		
GTC TTA GAT CTA		920
Ile Pro Ser Val Ile Gly Leu Met	Ile Pro Ser Val Ile Gly Leu Met Gln Ala Leu Ala	
Gln Ala Leu Ala Val Leu Asp	Val Leu Asp Leu	
Leu		280
275	280	285
285	290	290
AGT GGC AAC TTG TTG AGT	AGT GGC AAC TTG TTG AGT GGA TCT ATT	
GGA TCT ATT CCT CCG ATT	CCT CCG ATT CTC GGAAAT CTT	968
CTC GGAAAT CTT	Ser Gly Asn Leu Leu Ser Gly Ser Ile Pro Pro Ile	
	Leu Gly Asn Leu	
Ser Gly Asn Leu Leu Ser Gly		
Ser Ile Pro Pro Ile Leu Gly Asn		
Leu		
	295	295
		300
300	305	305
ACT TTC ACC GAG AAA TTG	ACT TTC ACC GAG AAA TTG TAT TTG CAC	
TAT TTG CAC AGT AAC AAG	AGT AAC AAG CTG ACT GGT TCA	1016
CTG ACT GGT TCA	Thr Phe Thr Glu Lys Leu Tyr Leu His Ser Asn	
Thr Phe Thr Glu Lys Leu Tyr	Lys Leu Thr Gly Ser	
Leu His Ser Asn Lys Leu Thr		315
Gly Ser		320

```

310
315          320
ATT CCA CCT GAG CTT GGA ATT CCA CCT GAG CTT GGA AAC ATG TCA
AAC ATG TCA AAA CTC CAT AAA CTC CAT TAC CTG GAA CTC      1064
TAC CTG GAA CTC      1064 Ile Pro Pro Glu Leu Gly Asn Met Ser Lys Leu
Ile Pro Pro Glu Leu Gly Asn Met His Tyr Leu Glu Leu
Ser Lys Leu His Tyr Leu Glu 325          330
Leu          335
          325 AAT GAT AAT CAT CTC ACG GGT CAT ATA
330          335 CCA CCA GAG CTT GGG AAG CTT      1112
AAT GAT AAT CAT CTC ACG
GGT CAT ATA CCA CCA GAG
CTT GGG AAG CTT      1112

Asn Asp Asn His Leu Thr Gly Asn Asp Asn His Leu Thr Gly His Ile Pro Pro
His Ile Pro Pro Glu Leu Gly Lys Glu Leu Gly Lys Leu
Leu          340          345
          340 350
350 ACT GAC TTG TTT GAT CTG AAT GTG GCC
ACT GAC TTG TTT GAT CTG AAC AAT GAT CTG GAA GGA CCT      1160
AAT GTG GCC AAC AAT GAT Thr Asp Leu Phe Asp Leu Asn Val Ala Asn Asn
CTG GAA GGA CCT      1160 Asp Leu Glu Gly Pro
Thr Asp Leu Phe Asp Leu Asn
Val Ala Asn Asn Asp Leu Glu
Gly Pro

355          360 355          360
365          370 365          370
ATA CCT GAT CAT CTG AGC ATA CCT GAT CAT CTG AGC TCT TGC ACA
TCT TGC ACA AAT CTA AAC AAT CTAAAC AGC TTAAAT GTT      1208
AGC TTAAAT GTT      1208 Ile Pro Asp His Leu Ser Ser Cys Thr Asn Leu
Ile Pro Asp His Leu Ser Ser Cys Asn Ser Leu Asn Val
Thr Asn Leu Asn Ser Leu Asn 375          380
Val          385

          375

```

380

385

CAT GGG AAC AAG TTT AGT CAT GGG AAC AAG TTT AGT GGC ACT ATA
 GGC ACT ATA CCC CGA GCA CCC CGA GCA TTT CAA AAG CTA 1256
 TTT CAA AAG CTA 1256 His Gly Asn Lys Phe Ser Gly Thr Ile Pro Arg Ala
 His Gly Asn Lys Phe Ser Gly Phe Gln Lys Leu
 Thr Ile Pro Arg Ala Phe Gln Lys 390 395
 Leu 400
 390 GAA AGT ATG ACT TAC CTT AAT CTG TCC
 395 400 AGC AAC AAT ATC AAA GGT CCA 1304
 GAA AGT ATG ACT TAC CTT
 AAT CTG TCC AGC AAC AAT
 ATC AAA GGT CCA 1304

Glu Ser Met Thr Tyr Leu Asn Glu Ser Met Thr Tyr Leu Asn Leu Ser Ser Asn
 Leu Ser Ser Asn Asn Ile Lys Gly Asn Ile Lys Gly Pro
 Pro 405 410
 405 415
 410 415 ATC CCG GTT GAG CTA TCT CGT ATC GGT
 ATC CCG GTT GAG CTA TCT AAC TTA GAT ACA TTG GAT CTT 1352
 CGT ATC GGT AAC TTA GAT Ile Pro Val Glu Leu Ser Arg Ile Gly Asn Leu Asp
 ACA TTG GAT CTT 1352 Thr Leu Asp Leu
 Ile Pro Val Glu Leu Ser Arg Ile
 Gly Asn Leu Asp Thr Leu Asp
 Leu

420 425 420 425
 430 430
 TCC AAC AAC AAG ATA AAT TCC AAC AAC AAG ATA AAT GGA ATC ATT
 GGA ATC ATT CCT TCT TCC CCT TCT TCC CTT GGT GAT TTG 1400
 CTT GGT GAT TTG 1400 Ser Asn Asn Lys Ile Asn Gly Ile Ile Pro Ser Ser
 Ser Asn Asn Lys Ile Asn Gly Ile Leu Gly Asp Leu
 Ile Pro Ser Ser Leu Gly Asp Leu 435 440
 435 440 445 450
 445 450

GAG CAT CTT CTC AAG ATG GAG CAT CTT CTC AAG ATG AAC TTG AGT
 AAC TTG AGT AGA AAT CAT AGAAAT CAT ATA ACT GGT GTA 1448
 ATA ACT GGT GTA 1448 Glu His Leu Leu Lys Met Asn Leu Ser Arg Asn
 Glu His Leu Leu Lys Met Asn His Ile Thr Gly Val
 Leu Ser Arg Asn His Ile Thr Gly 455 460
 Val 465
 455 GTT CCA GGC GAC TTT GGA AAT CTA AGA
 460 465 AGC ATC ATG GAA ATA GAT CTT 1496
 GTT CCA GGC GAC TTT GGA
 AAT CTA AGA AGC ATC ATG
 GAA ATA GAT CTT 1496

Val Pro Gly Asp Phe Gly Asn Val Pro Gly Asp Phe Gly Asn Leu Arg Ser Ile
 Leu Arg Ser Ile Met Glu Ile Asp Met Glu Ile Asp Leu
 Leu 470 475
 470 480
 475 480 TCA AAT AAT GAT ATC TCT GGC CCA ATT
 TCA AAT AAT GAT ATC TCT CCA GAA GAG CTT AAC CAA TTA 1544
 GGC CCA ATT CCA GAA GAG Ser Asn Asn Asp Ile Ser Gly Pro Ile Pro Glu Glu
 CTT AAC CAA TTA 1544 Leu Asn Gln Leu
 Ser Asn Asn Asp Ile Ser Gly
 Pro Ile Pro Glu Glu Leu Asn Gln
 Leu

485 485 490
 490 495 495
 CAG AAC ATA ATT TTG CTG CAG AAC ATA ATT TTG CTG AGA CTG GAA
 AGA CTG GAA AAT AAT AAC AAT AAT AAC CTG ACT GGT AAT 1592
 CTG ACT GGT AAT 1592 Gln Asn Ile Ile Leu Leu Arg Leu Glu Asn Asn
 Gln Asn Ile Ile Leu Leu Arg Leu Asn Leu Thr Gly Asn
 Glu Asn Asn Asn Leu Thr Gly 500 505
 Asn 510
 500 505
 510

GTT GGT TCA TTA GCC AAC GTT GGT TCA TTA GCC AAC TGT CTC AGT

TGT CTC AGT CTC ACT GTA CTC ACT GTA TTG AAT GTA TCT 1640
 TTG AAT GTA TCT 1640 Val Gly Ser Leu Ala Asn Cys Leu Ser Leu Thr
 Val Gly Ser Leu Ala Asn Cys Val Leu Asn Val Ser
 Leu Ser Leu Thr Val Leu Asn 515 520
 Val Ser 525 530
 515 520 CAT AAC AAC CTC GTA GGT GAT ATC CCT
 525 530 AAG AAC AAT AAC TTC TCA AGA 1688
 CAT AAC AAC CTC GTA GGT
 GAT ATC CCT AAG AAC AAT
 AAC TTC TCA AGA 1688

His Asn Asn Leu Val Gly Asp Ile His Asn Asn Leu Val Gly Asp Ile Pro Lys Asn
 Pro Lys Asn Asn Asn Phe Ser Asn Asn Phe Ser Arg
 Arg 535 540
 540 545 TTT TCA CCA GAC AGC TTC ATT GGC AAT
 TTT TCA CCA GAC AGC TTC CCT GGT CTT TGC GGT AGT TGG 1736
 ATT GGC AAT CCT GGT CTT Phe Ser Pro Asp Ser Phe Ile Gly Asn Pro Gly
 TGC GGT AGT TGG 1736 Leu Cys Gly Ser Trp
 Phe Ser Pro Asp Ser Phe Ile
 Gly Asn Pro Gly Leu Cys Gly
 Ser Trp

550 550 555
 555 560 560
 CTA AAC TCA CCG TGT CAT CTA AAC TCA CCG TGT CAT GAT TCT CGT
 GAT TCT CGT CGA ACT GTA CGA ACT GTA CGA GTG TCA ATC 1784
 CGA GTG TCA ATC 1784 Leu Asn Ser Pro Cys His Asp Ser Arg Arg Thr
 Leu Asn Ser Pro Cys His Asp Val Arg Val Ser Ile
 Ser Arg Arg Thr Val Arg Val Ser 565 570
 Ile 575
 565
 570 575

TCT AGA GCA GCT ATT CTT TCT AGA GCA GCT ATT CTT GGA ATA GCT
 GGA ATA GCT ATT GGG GGA ATT GGG GGA CTT GTG ATC CTT 1832

CTT GTG ATC CTT	1832	Ser Arg Ala Ala Ile Leu Gly Ile Ala Ile Gly Gly	
Ser Arg Ala Ala Ile Leu Gly Ile		Leu Val Ile Leu	
Ala Ile Gly Gly Leu Val Ile Leu	580		585
580	585	590	
590		CTC ATG GTC TTA ATA GCA GCT TGC CGA	
CTC ATG GTC TTA ATA GCA		CCG CAT AAT CCT CCT CCT TTT	1880
GCT TGC CGA CCG CAT AAT			
CCT CCT CCT TTT	1880		
Leu Met Val Leu Ile Ala Ala Cys		Leu Met Val Leu Ile Ala Ala Cys Arg Pro His Asn	
Arg Pro His Asn Pro Pro Pro		Pro Pro Pro Phe	
Phe			600
595	600	605	610
605	610	CTT GAT GGA TCA CTT GAC AAA CCA GTA	
CTT GAT GGA TCA CTT GAC		ACT TAT TCG ACA CCG AAG CTC	1928
AAA CCA GTA ACT TAT TCG		Leu Asp Gly Ser Leu Asp Lys Pro Val Thr Tyr	
ACA CCG AAG CTC	1928	Ser Thr Pro Lys Leu	
Leu Asp Gly Ser Leu Asp Lys			
Pro Val Thr Tyr Ser Thr Pro Lys			
Leu			
	615	615	620
620	625	625	
GTC ATC CTT CAT ATG AAC		GTC ATC CTT CAT ATG AAC ATG GCA CTC	
ATG GCA CTC CAC GTT TAC		CAC GTT TAC GAG GAT ATC ATG	1976
GAG GAT ATC ATG	1976	Val Ile Leu His Met Asn Met Ala Leu His Val Tyr	
Val Ile Leu His Met Asn Met Ala		Glu Asp Ile Met	
Leu His Val Tyr Glu Asp Ile Met			635
630		640	
635	640		
AGA ATG ACA GAG AAT CTA		AGA ATG ACA GAG AAT CTA AGT GAG AAG	
AGT GAG AAG TAT ATC ATT		TAT ATC ATT GGG CAC GGA GCA	2024
GGG CAC GGA GCA		Arg Met Thr Glu Asn Leu Ser Glu Lys Tyr Ile Ile	
2024		Gly His Gly Ala	
Arg Met Thr Glu Asn Leu Ser	645		650

Glu Lys Tyr Ile Ile Gly His Gly	655	
Ala	TCA AGC ACT GTA TAC AAA TGT GTT TTG	
645	AAG AAT TGT AAA CCG GTT GCG	2072
650	655	
TCA AGC ACT GTA TAC AAA		
TGT GTT TTG AAG AAT TGT		
AAA CCG GTT GCG	2072	
Ser Ser Thr Val Tyr Lys Cys Val	Ser Ser Thr Val Tyr Lys Cys Val Leu Lys Asn	
Leu Lys Asn Cys Lys Pro Val	Cys Lys Pro Val Ala	
Ala	660	665
660	665	670
670	ATT AAG CGG CTT TAC TCT CAC AAC CCA	
ATT AAG CGG CTT TAC TCT	CAG TCAATG AAA CAG TTT GAA	2120
CAC AAC CCA CAG TCA ATG	Ile Lys Arg Leu Tyr Ser His Asn Pro Gln Ser Met	
AAA CAG TTT GAA	2120	Lys Gln Phe Glu
Ile Lys Arg Leu Tyr Ser His Asn		
Pro Gln Ser Met Lys Gln Phe		
Glu		
675	680	675
685	690	685
ACA GAA CTC GAG ATG CTA	ACA GAA CTC GAG ATG CTA AGT AGC ATC	680
AGT AGC ATC AAG CAC AGA	AAG CAC AGA AAT CTT GTG AGC	2168
AAT CTT GTG AGC	2168	Thr Glu Leu Glu Met Leu Ser Ser Ile Lys His Arg
Thr Glu Leu Glu Met Leu Ser	Asn Leu Val Ser	
Ser Ile Lys His Arg Asn Leu Val	695	700
Ser	705	
695		
700	705	
CTA CAA GCT TAT TCC CTC	CTA CAA GCT TAT TCC CTC TCT CAC TTG	
TCT CAC TTG GGG AGT CTT	GGG AGT CTT CTG TTC TAT GAC	2216
CTG TTC TAT GAC	2216	Leu Gln Ala Tyr Ser Leu Ser His Leu Gly Ser
Leu Gln Ala Tyr Ser Leu Ser His	Leu Leu Phe Tyr Asp	
Leu Gly Ser Leu Leu Phe Tyr	710	715

Asp		720	
	710		TAT TTG GAA AAT GGT AGC CTC TGG GAT
715		720	CTT CTT CAT GGC CCT ACG AAG 2264
TAT TTG GAA AAT GGT AGC			
CTC TGG GAT CTT CTT CAT			
GGC CCT ACG AAG 2264			
Tyr Leu Glu Asn Gly Ser Leu		Tyr Leu Glu Asn Gly Ser Leu Trp Asp Leu Leu	
Trp Asp Leu Leu His Gly Pro		His Gly Pro Thr Lys	
Thr Lys		725	730
	725	735	
730		735	AAA AAG ACT CTT GAT TGG GAC ACA CGG
AAA AAG ACT CTT GAT TGG			CTT AAG ATA GCA TAT GGT GCA 2312
GAC ACA CGG CTT AAG ATA			Lys Lys Thr Leu Asp Trp Asp Thr Arg Leu Lys Ile
GCA TAT GGT GCA 2312			Ala Tyr Gly Ala
Lys Lys Thr Leu Asp Trp Asp			
Thr Arg Leu Lys Ile Ala Tyr Gly			
Ala			
	740	745	740
750			750
GCA CAA GGT TTA GCT TAT			GCA CAA GGT TTA GCT TAT CTA CAC CAT
CTA CAC CAT GAC TGT AGT			GAC TGT AGT CCAAGG ATC ATT 2360
CCAAGG ATC ATT 2360			Ala Gln Gly Leu Ala Tyr Leu His His Asp Cys
Ala Gln Gly Leu Ala Tyr Leu His			Ser Pro Arg Ile Ile
His Asp Cys Ser Pro Arg Ile Ile		755	760
755		760	765
			770
765		770	
CAC AGA GAC GTG AAG TCG		CAC AGA GAC GTG AAG TCG TCC AAC ATT	
TCC AAC ATT CTC TTG GAC		CTC TTG GAC AAA GAC TTA GAG 2408	
AAA GAC TTA GAG 2408		His Arg Asp Val Lys Ser Ser Asn Ile Leu Leu	
His Arg Asp Val Lys Ser Ser		Asp Lys Asp Leu Glu	
Asn Ile Leu Leu Asp Lys Asp		775	780
Leu Glu		785	
	775		GCT CGT TTG ACA GAT TTT GGA ATA GCG

780 785 AAA AGC TTG TGT GTG TCAAAG 2456
 GCT CGT TTG ACA GAT TTT
 GGA ATA GCG AAA AGC TTG
 TGT GTG TCAAAG 2456

Ala Arg Leu Thr Asp Phe Gly Ile Ala Arg Leu Thr Asp Phe Gly Ile Ala Lys Ser Leu
 Ala Lys Ser Leu Cys Val Ser Cys Val Ser Lys
 Lys 790 795
 790 800
 795 800 TCA CAT ACT TCA ACT TAC GTG ATG GGC
 TCA CAT ACT TCA ACT TAC ACG ATA GGT TAC ATA GAC CCC 2504
 GTG ATG GGC ACG ATA GGT Ser His Thr Ser Thr Tyr Val Met Gly Thr Ile Gly
 TAC ATA GAC CCC 2504 Tyr Ile Asp Pro
 Ser His Thr Ser Thr Tyr Val Met
 Gly Thr Ile Gly Tyr Ile Asp Pro

 805 805 810
 810 815 815
 GAG TAT GCT CGC ACT TCA GAG TAT GCT CGC ACT TCA CGG CTC ACT
 CGG CTC ACT GAG AAA TCC GAG AAA TCC GAT GTC TAC AGT 2552
 GAT GTC TAC AGT 2552 Glu Tyr Ala Arg Thr Ser Arg Leu Thr Glu Lys Ser
 Glu Tyr Ala Arg Thr Ser Arg Leu Asp Val Tyr Ser
 Thr Glu Lys Ser Asp Val Tyr Ser 820 825
 820 825 830
 830

TAT GGA ATA GTC CTT CTT TAT GGA ATA GTC CTT CTT GAG CTG TTA
 GAG CTG TTA ACC CGA AGG ACC CGA AGG AAA GCC GTT GAT 2600
 AAA GCC GTT GAT 2600 Tyr Gly Ile Val Leu Leu Glu Leu Leu Thr Arg Arg
 Tyr Gly Ile Val Leu Leu Glu Leu Lys Ala Val Asp
 Leu Thr Arg Arg Lys Ala Val Asp 835 840
 835 840 845 850
 845 850 GAC GAA TCC AAT CTC CAC CAT CTG ATA
 GAC GAA TCC AAT CTC CAC ATG TCAAAG ACG GGG AAC AAT 2648
 CAT CTG ATA ATG TCA AAG
 ACG GGG AAC AAT 2648

Asp Glu Ser Asn Leu His His	Asp Glu Ser Asn Leu His His Leu Ile Met Ser
Leu Ile Met Ser Lys Thr Gly Asn	Lys Thr Gly Asn Asn
Asn	855 860
855	865
860 865	GAA GTG ATG GAA ATG GCA GAT CCA GAC
GAA GTG ATG GAA ATG GCA	ATC ACA TCG ACG TGT AAA GAT 2696
GAT CCA GAC ATC ACA TCG	Glu Val Met Glu Met Ala Asp Pro Asp Ile Thr Ser
ACG TGT AAA GAT 2696	Thr Cys Lys Asp
Glu Val Met Glu Met Ala Asp	
Pro Asp Ile Thr Ser Thr Cys Lys	
Asp	
870	870 875
875 880	880
CTC GGT GTG GTG AAG AAA	CTC GGT GTG GTG AAG AAA GTT TTC CAA
GTT TTC CAA CTG GCA CTC	CTG GCA CTC CTA TGC ACC AAA 2744
CTA TGC ACC AAA 2744	Leu Gly Val Val Lys Lys Val Phe Gln Leu Ala
Leu Gly Val Val Lys Lys Val Phe	Leu Leu Cys Thr Lys
Gln Leu Ala Leu Leu Cys Thr	885 890
Lys	895
885	
890 895	
AGA CAG CCG AAT GAT CGA	AGA CAG CCG AAT GAT CGA CCC ACA ATG
CCC ACA ATG CAC CAG GTG	CAC CAG GTG ACT CGT GTT CTC 2792
ACT CGT GTT CTC 2792	Arg Gln Pro Asn Asp Arg Pro Thr Met His Gln
Arg Gln Pro Asn Asp Arg Pro	Val Thr Arg Val Leu
Thr Met His Gln Val Thr Arg Val	900 905
Leu	910
900 905	GGC AGT TTT ATG CTA TCG GAA CAA CCA
910	CCT GCT GCG ACT GAC ACG TCA 2840
GGC AGT TTT ATG CTA TCG	
GAA CAA CCA CCT GCT GCG	
ACT GAC ACG TCA 2840	

Gly Ser Phe Met Leu Ser Glu	Gly Ser Phe Met Leu Ser Glu Gln Pro Pro Ala
Gln Pro Pro Ala Ala Thr Asp Thr	Ala Thr Asp Thr Ser
Ser	915 920
915 920	925 930
925 930	GCG ACG CTG GCT GGT TCG TGC TAC GTC
GCG ACG CTG GCT GGT	GAT GAG TAT GCAAAT CTC AAG 2888
TCG TGC TAC GTC GAT GAG	Ala Thr Leu Ala Gly Ser Cys Tyr Val Asp Glu Tyr
TAT GCA AAT CTC AAG	Ala Asn Leu Lys
2888	
Ala Thr Leu Ala Gly Ser Cys Tyr	
Val Asp Glu Tyr Ala Asn Leu	
Lys	
	935 940
940 945	945
ACT CCT CAT TCT GTC AAT	ACT CCT CAT TCT GTC AAT TGC TCT TCC
TGC TCT TCC ATG AGT GCT	ATG AGT GCT TCT GAT GCT CAA 2936
TCT GAT GCT CAA 2936	Thr Pro His Ser Val Asn Cys Ser Ser Met Ser
Thr Pro His Ser Val Asn Cys	Ala Ser Asp Ala Gln
Ser Ser Met Ser Ala Ser Asp	950 955
Ala Gln	960
950	
955 960	
CTG TTT CTT CGG TTT GGA	CTG TTT CTT CGG TTT GGA CAA GTT ATT
CAA GTT ATT TCT CAG AAC	TCT CAG AAC AGT GAG 2978
AGT GAG 2978	Leu Phe Leu Arg Phe Gly Gln Val Ile Ser Gln
Leu Phe Leu Arg Phe Gly Gln	Asn Ser Glu
Val Ile Ser Gln Asn Ser Glu	965 970
965	975
970 975	TAGTTTTTCG TTAGGAGGAG AATCTTTAAA
TAGTTTTTCG TTAGGAGGAG	ACGGTATCTT TTCGTTGCGT TAAGCTGTTA
AATCTTTAAA ACGGTATCTT	3038
TTCGTTGCGT TAAGCTGTTA	
3038	

```

GAAAAATTAA TGTCTCATGT GAAAAATTAA TGTCTCATGT AAAGTATTAT
AAAGTATTAT GCACTGCCTT GCACTGCCTT ATTATTATTA GACAAGTGTG
ATTATTATTA GACAAGTGTG 3098
3098 TGGTGTGAAT ATGTCTTCAG ACTGGCACTT
TGGTGTGAAT ATGTCTTCAG AGACTTCCAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA
ACTGGCACTT AGACTTCCAA 3158
AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA
3158 3176
AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA
3176

```

【0057】

配列番号：2
 配列の長さ：9295
 配列の型：核酸
 鎖の数：二本鎖

[0057]

Sequence number: 2
 Sequence length: 9295
 Sequence type: Nucleic acid
 The number of strands: It is double stranded.

トポロジー：直鎖状
 配列の種類：genomic DNA
 起源
 生物名：シロイヌナズナ
 (Arabidopsis thaliana)

Topology: Linear
 Type of sequence: genomic DNA
 Origin
 Organism-name: Arabidopsis thaliana
 (Arabidopsis thaliana)

株名：コロンビア
 配列の特徴：
 特徴を表す記号： exon
 存在位置： 1803..1881

Strain name: Colombia
 Sequence characteristics :
 Symbol showing the characteristics: exon
 Location: 1803.1881

配列の特徴：
 特徴を表す記号： intron
 存在位置： 1882..2227
 配列の特徴：

Sequence characteristics :
 Symbol showing the characteristics: intron
 Location: 1882.2227
 Sequence characteristics :

特徴を表す記号： exon
 存在位置： 2228..2366
 配列の特徴：

Symbol showing the characteristics: exon
 Location: 2228.2366
 Sequence characteristics :

特徴を表す記号 : intron

Symbol showing the characteristics: intron

存在位置 : 2367..2467

Location: 2367.2467

配列の特徴 :

Sequence characteristics :

特徴を表す記号 : intron

Symbol showing the characteristics: intron

存在位置 : 2540..2643

Location: 2540.2643

配列の特徴 :

Sequence characteristics :

特徴を表す記号 : exon

Symbol showing the characteristics: exon

存在位置 : 2468..2539

Location: 2468.2539

配列の特徴 :

Sequence characteristics :

特徴を表す記号 : exon

Symbol showing the characteristics: exon

存在位置 : 2644..2715

Location: 2644.2715

配列の特徴 :

Sequence characteristics :

特徴を表す記号 : intron

Symbol showing the characteristics: intron

存在位置 : 2716..2809

Location: 2716.2809

配列の特徴 :

Sequence characteristics :

特徴を表す記号 : exon

Symbol showing the characteristics: exon

存在位置 : 2810..2878

Location: 2810.2878

配列の特徴 :

Sequence characteristics :

特徴を表す記号 : intron

Symbol showing the characteristics: intron

存在位置 : 2879..2968

Location: 2879.2968

配列の特徴 :

Sequence characteristics :

特徴を表す記号 : exon

Symbol showing the characteristics: exon

存在位置 : 2969..3040

Location: 2969.3040

配列の特徴 :

Sequence characteristics :

特徴を表す記号 : intron

Symbol showing the characteristics: intron

存在位置 : 3041..3118

Location: 3041.3118

配列の特徴 :

Sequence characteristics :

特徴を表す記号 : exon

Symbol showing the characteristics: exon

存在位置 : 3119..3190

Location: 3119.3190

配列の特徴 :

特徴を表す記号 : intron

存在位置 : 3191..3266

配列の特徴 :

特徴を表す記号 : exon

存在位置 : 3267..3338

配列の特徴 :

特徴を表す記号 : intron

存在位置 : 3339..3421

配列の特徴 :

特徴を表す記号 : exon

存在位置 : 3422..3493

配列の特徴 :

特徴を表す記号 : intron

存在位置 : 3494..3586

配列の特徴 :

特徴を表す記号 : exon

存在位置 : 3587..3655

配列の特徴 :

特徴を表す記号 : intron

存在位置 : 3656..3740

配列の特徴 :

特徴を表す記号 : exon

存在位置 : 3741..3812

配列の特徴 :

特徴を表す記号 : intron

存在位置 : 3813..3888

配列の特徴 :

Sequence characteristics :

Symbol showing the characteristics: intron

Location: 3191.3266

Sequence characteristics :

Symbol showing the characteristics: exon

Location: 3267.3338

Sequence characteristics :

Symbol showing the characteristics: intron

Location: 3339.3421

Sequence characteristics :

Symbol showing the characteristics: exon

Location: 3422.3493

Sequence characteristics :

Symbol showing the characteristics: intron

Location: 3494.3586

Sequence characteristics :

Symbol showing the characteristics: exon

Location: 3587.3655

Sequence characteristics :

Symbol showing the characteristics: intron

Location: 3656.3740

Sequence characteristics :

Symbol showing the characteristics: exon

Location: 3741.3812

Sequence characteristics :

Symbol showing the characteristics: intron

Location: 3813.3888

Sequence characteristics :

特徴を表す記号 : exon

存在位置 : 3889..3960

配列の特徴 :

特徴を表す記号 : intron

Symbol showing the characteristics: exon

Location: 3889.3960

Sequence characteristics :

Symbol showing the characteristics: intron

存在位置 : 3961..4048

配列の特徴 :

特徴を表す記号 : exon

存在位置 : 4049..4120

Location: 3961.4048

Sequence characteristics :

Symbol showing the characteristics: exon

Location: 4049.4120

配列の特徴 :

特徴を表す記号 : intron

存在位置 : 4121..4209

配列の特徴 :

Sequence characteristics :

Symbol showing the characteristics: intron

Location: 4121.4209

Sequence characteristics :

特徴を表す記号 : exon

存在位置 : 4210..4281

配列の特徴 :

特徴を表す記号 : intron

Symbol showing the characteristics: exon

Location: 4210.4281

Sequence characteristics :

Symbol showing the characteristics: intron

存在位置 : 4282..4349

配列の特徴 :

特徴を表す記号 : exon

存在位置 : 4350..4421

Location: 4282.4349

Sequence characteristics :

Symbol showing the characteristics: exon

Location: 4350.4421

配列の特徴 :

特徴を表す記号 : intron

存在位置 : 4422..4508

配列の特徴 :

Sequence characteristics :

Symbol showing the characteristics: intron

Location: 4422.4508

Sequence characteristics :

特徴を表す記号 : exon

存在位置 : 4509..4580

配列の特徴 :

特徴を表す記号 : intron

Symbol showing the characteristics: exon

Location: 4509.4580

Sequence characteristics :

Symbol showing the characteristics: intron

存在位置 : 4581..4706

Location: 4581.4706

配列の特徴：

特徴を表す記号： exon

存在位置： 4707..4778

Sequence characteristics：

Symbol showing the characteristics: exon

Location: 4707.4778

配列の特徴：

特徴を表す記号： intron

存在位置： 4779..4860

Sequence characteristics：

Symbol showing the characteristics: intron

Location: 4779.4860

配列の特徴：

Sequence characteristics：

特徴を表す記号： exon

存在位置： 4861..4932

配列の特徴：

特徴を表す記号： intron

Symbol showing the characteristics: exon

Location: 4861.4932

Sequence characteristics：

Symbol showing the characteristics: intron

存在位置： 4933..5018

Location: 4933.5018

配列の特徴：

Sequence characteristics：

特徴を表す記号： exon

存在位置： 5019..5090

Symbol showing the characteristics: exon

Location: 5019.5090

配列の特徴：

Sequence characteristics：

特徴を表す記号： intron

存在位置： 5091..5176

Symbol showing the characteristics: intron

Location: 5091.5176

配列の特徴：

Sequence characteristics：

特徴を表す記号： exon

存在位置： 5177..5248

配列の特徴：

特徴を表す記号： intron

Symbol showing the characteristics: exon

Location: 5177.5248

Sequence characteristics：

Symbol showing the characteristics: intron

存在位置： 5249..5412

Location: 5249.5412

配列の特徴：

Sequence characteristics：

特徴を表す記号： exon

存在位置： 5413..5481

Symbol showing the characteristics: exon

Location: 5413.5481

配列の特徴：

Sequence characteristics：

特徴を表す記号： intron

Symbol showing the characteristics: intron

存在位置 : 5482..5576

配列の特徴 :

Location: 5482.5576

Sequence characteristics :

特徴を表す記号 : exon

存在位置 : 5577..5648

配列の特徴 :

特徴を表す記号 : intron

Symbol showing the characteristics: exon

Location: 5577.5648

Sequence characteristics :

Symbol showing the characteristics: intron

存在位置 : 5649..5726

配列の特徴 :

特徴を表す記号 : exon

存在位置 : 5727..5800

Location: 5649.5726

Sequence characteristics :

Symbol showing the characteristics: exon

Location: 5727.5800

配列の特徴 :

特徴を表す記号 : intron

存在位置 : 5801..5882

配列の特徴 :

Sequence characteristics :

Symbol showing the characteristics: intron

Location: 5801.5882

Sequence characteristics :

特徴を表す記号 : exon

存在位置 : 5883..6011

配列の特徴 :

特徴を表す記号 : exon

Symbol showing the characteristics: exon

Location: 5883.6011

Sequence characteristics :

Symbol showing the characteristics: exon

存在位置 : 6096..6443

配列の特徴 :

特徴を表す記号 : intron

存在位置 : 6012..6095

Location: 6096.6443

Sequence characteristics :

Symbol showing the characteristics: intron

Location: 6012.6095

配列の特徴 :

特徴を表す記号 : intron

存在位置 : 6444..6519

配列の特徴 :

Sequence characteristics :

Symbol showing the characteristics: intron

Location: 6444.6519

Sequence characteristics :

特徴を表す記号 : exon

存在位置 : 6520..6890

配列の特徴 :

Symbol showing the characteristics: exon

Location: 6520.6890

Sequence characteristics :

特徴を表す記号 : intron

Symbol showing the characteristics: intron

存在位置 : 6891..6974

Location: 6891.6974

配列の特徴 :

Sequence characteristics :

特徴を表す記号 : exon

Symbol showing the characteristics: exon

存在位置 : 6975..7328

Location: 6975.7328

配列

Sequence

GAATTCAAAG GAATAAGCAT GAATTCAAAG GAATAAGCAT CGGAGACGAT
 CGGAGACGAT TTAATGTTAC TTAATGTTAC CTCTTGACGT ATTTATCCAA
 CTCTTGACGT ATTTATCCAA 60
 60 TTTATCCATT AAGCCACCAG CCATAGCATC
 TTTATCCATT AAGCCACCAG TGATCATCAT CATCAACATA TAAATAACCA
 CCATAGCATC TGATCATCAT 120
 CATCAACATA TAAATAACCA AATTTGAAAT GAACAAAAGT CGAATTGGTG
 120 ATATTGAAAA TCGAGTTCGT GAAATTGAGA
 AATTTGAAAT GAACAAAAGT 180
 CGAATTGGTG ATATTGAAAA
 TCGAGTTCGT GAAATTGAGA
 180

ATCGGATTGG TGAATTTGAA ATCGGATTGG TGAATTTGAA GAGAGATGCG
 GAGAGATGCG TGTACCGTTA TGTACCGTTA GGGAGGAGGA
 GGGAGGAGGA GGAGACGGGA 240
 GGAGACGGGA 240 GAGAAAAAAG GAGACGGAGA
 GAGAAAAAAG TAACTCGCCG GCTCTGTTTC
 GAGACGGAGA CATGGCGGAG GTGATAATGT 300
 TAACTCGCCG GCTCTGTTTC AGCTGCGCAC GTTAGCTTTT TGTGGTTTGA
 CATGGCGGAG GTGATAATGT GTTGGAGAAC AGTGGGAGGC
 300 TCACGGTAGC 360
 AGCTGCGCAC GTTAGCTTTT GTGGAGTGAC GACATTGGGG
 TGTGGTTTGA ATAACACCAG AGGCGTCTTA TCTCCGTTGG
 GTTGGAGAAC ACAAATTATT 420
 AGTGGGAGGC
 TCACGGTAGC 360
 GTGGAGTGAC

GACATTGGGG ATAACACCAG
 AGGCGTCTTA TCTCCGTTGG
 ACAAATTATT 420

ATTATGGCTA TGAACATTCA ATTATGGCTA TGAACATTCA ACATATAATT
 ACATATAATT TAATTAGAAA TAATTAGAAA TTTGCGGATG AAAAAGAGGT
 TTTGCGGATG AAAAAGAGGT 480
 480 AAACAATTGC AGAAATGGTT AAAAATATTA
 AAACAATTGC AGAAATGGTT ACGTTGTACA GCAAATGATA ATAAAAAGTG
 AAAAATATTA ACGTTGTACA 540
 GCAAATGATA ATAAAAAGTG TAACGTACAG TGTGTAAGGA ATGGAAAAAT
 540 AATAATTTGG GTTAAAATAA ATATGTAGTT
 TAACGTACAG TGTGTAAGGA 600
 ATGGAAAAAT AATAATTTGG TTCTAACTAT ATAGTACTTT TTGAGAAAAG
 GTTAAAATAA ATATGTAGTT ATAATATTAT GTGTATTTTT ATTGAAACAA
 600 660
 TTCTAACTAT ATAGTACTTT
 TTGAGAAAAG ATAATATTAT
 GTGTATTTTT ATTGAAACAA
 660

ATAAATGATT TAACAAAAAA ATAAATGATT TAACAAAAAA AAAAAGAGAA
 AAAAAGAGAA GTTAAAATGA GTTAAAATGA AAAGGAATTA TTATTTTTTA
 AAAGGAATTA TTATTTTTTA 720
 720 AGTTCTTCCT TCTTTTGTTG GGCCTGTGAC
 AGTTCTTCCT TCTTTTGTTG CCTTTTAGTT TTAGTCCACT TCGTTCTCAA
 GGCCTGTGAC CCTTTTAGTT 780
 TTAGTCCACT TCGTTCTCAA AGCTTCAAAA TATTAATTTT GTGACAAACC
 780 GACCGGAGCC AACCAAACCG
 AGCTTCAAAA TATTAATTTT GTTAACATCC 840
 GTGACAAACC TAAAACCAAT CATATTTTAT TAAGTTTTGT
 GACCGGAGCC GTTGATGCTA AACCAAAAAT CATTGGCATG
 AACCAAACCG GTTAACATCC 900
 840
 TAAAACCAAT CATATTTTAT
 TAAGTTTTGT GTTGATGCTA

AACCAAAAAT CATTGGCATG

900

CATATTTCTA AATTTAGTAA CATATTTCTA AATTTAGTAA TAAACAAAAA
 TAAACAAAAA CACTTAGAAA CACTTAGAAA TCACACGTTC ACTATACTAA
 TCACACGTTC ACTATACTAA 960

960 AAAACGTTGA CAAAAACACA ACAACTATAC
 AAAACGTTGA CAAAAACACA TAATAATTAA AGAAGAGAAA ACTGAACCAA
 ACAACTATAC TAATAATTAA 1020

AGAAGAGAAA ACTGAACCAA ACTTTTTGTA AACTCCTGAA TTAAATTAG
 1020 TAATTGAAGT AAGAAGATGA AGAAGAACAT
 ACTTTTTGTA AACTCCTGAA 1080

TTAAATTAG TAATTGAAGT GTTAAGCAAA CAAAAAATT AACTAAAAT
 AAGAAGATGA AGAAGAACAT CATATAAAAA TACATAATTA CAAAAGTACC
 1080 1140

GTTAAGCAAA CAAAAAATT
 AACTAAAAT CATATAAAAA
 TACATAATTA CAAAAGTACC
 1140

CATAAGATGG ATTTATTGAT CATAAGATGG ATTTATTGAT ATGGGTCATC
 ATGGGTCATC TGTGAAACAA TGTGAAACAA GCCACAGAGA
 GCCACAGAGA GACAAAGACT 1200

GACAAAGACT 1200 CGTAAGTATT GGGCAACGAA
 CGTAAGTATT GGGCAACGAA AGCGACCTCC TTTATTCACC ACTGCCATTA
 AGCGACCTCC TTTATTCACC ACATGTTCTT 1260

ACTGCCATTA ACATGTTCTT CTTCTCCTTC TTCTTCTACA TTTATGACC
 1260 GTTTTACCCT TCAAGAGAGA GAAACAAAAT
 CTTCTCCTTC TTCTTCTACA 1320

TTTATGACC GTTTTACCCT CACTCCCTCT CACTCACTCT ATCTCTCTCT
 TCAAGAGAGA GAAACAAAAT TCTGCAAAGC TTCAGAACTC
 1320 TGGCAGAGAG 1380

CACTCCCTCT CACTCACTCT
 ATCTCTCTCT TCTGCAAAGC
 TTCAGAACTC
 TGGCAGAGAG 1380

ATAAAAGATG ATGGGGTTTT ATAAAAGATG ATGGGGTTTT TAACTTTATC
 TAACTTTATC CTCCCCAAAT CTCCCCAAAT AATTCTTCTT CCCTTCATCT
 AATTCTTCTT CCCTTCATCT 1440
 1440 CTCTCTCTTA CACAACAGGT CCCTACATTT
 CTCTCTCTTA CACAACAGGT GTACAATCTC CTCTCTTTAA AGACTCTCTC
 CCCTACATTT GTACAATCTC 1500
 CTCTCTTTAA AGACTCTCTC TCTTTCTCTC TCCATCTCTA TCTTACTCTG
 1500 TATTTCTGTC GTCTGAGCAC TCAATGAAAC
 TCTTTCTCTC TCCATCTCTA 1560
 TCTTACTCTG TATTTCTGTC CACTGTAAAT TTCCGCCAGA ATTTGATGTG
 GTCTGAGCAC TCAATGAAAC ATGGAACGAT AAAAATCATT TTTTCTCGGT
 1560 1620
 CACTGTAAAT TTCCGCCAGA
 ATTTGATGTG ATGGAACGAT
 AAAAATCATT TTTTCTCGGT
 1620

TAAAGTAAAA AAACAAAAAC TAAAGTAAAA AAACAAAAAC AAATTTCTGT
 AAATTTCTGT AGAAATCATA AGAAATCATA ATAAAAGAAA GAAAAAAAAT
 ATAAAAGAAA GAAAAAAAAT 1680
 1680 CTAATGTCGG TACATAATAC GGTTCCTCTC
 CTAATGTCGG TACATAATAC TTCTTCTCTA TCCTCTGTTT CTTCTTCATG
 GGTTCCTCTC TTCTTCTCTA 1740
 TCCTCTGTTT CTTCTTCATG GAGACTTGAA AGCTTTTAAA GTATATCTAA
 1740 AAACGCAGTC GTTTTAAGAC
 GAGACTTGAA AGCTTTTAAA TGTGTGTGAG 1800
 GTATATCTAA AAACGCAGTC AAATGGCTCT GTTTAGAGAT ATTGTTCTTC
 GTTTTAAGAC TGTGTGTGAG TTGGGTTTCT CTTCTGCTTG AGCTTAGTAG
 1800 1860
 AAATGGCTCT GTTTAGAGAT
 ATTGTTCTTC TTGGGTTTCT
 CTTCTGCTTG AGCTTAGTAG
 1860

CTACTGTGAC

CTACTGTGAC TTCAGAGGAG GGTCAGTTAT

```

TTCAGAGGAG GGTCA GTTAT TATACTGATG CATGCTTCTT CAAGTTCAAG
TATACTGATG CATGCTTCTT 1920
CAAGTTCAAG 1920 ATTTTCGTCT TTTTGTTTTA TATTAGTGAA
ATTTTCGTCT TTTTGTTTTA AAAA ACTTAA AGATGAGATT TTTATATGAT
TATTAGTGAA AAAA ACTTAA 1980
AGATGAGATT TTTATATGAT TTTTGAAGTT TCATTTGGTG AAAATGAGAT
1980 CTGGGTACTT GTTATTTTCT ATTTT TGCTT
TTTGAAGTT TCATTTGGTG 2040
AAAATGAGAT CTGGGTACTT TTTGTAATGG TTTTTTTTTA CTTGGTGGGT
GTTATTTTCT ATTTT TGCTT CTTCTATAGA ATCAAAAGAA GCTTTGAATA
2040 2100
TTTGAATGG TTTTTTTTTA
CTTGGTGGGT CTTCTATAGA
ATCAAAAGAA GCTTTGAATA
2100

```

```

AATTAGGGTT TGAGTTTTAT AATTAGGGTT TGAGTTTTAT TTTGTTTTCT
TTTGTTTTCT TGGAAGTTGA TGGAAGTTGA ATTTTAAATC TTCTCAAGAA
ATTTTAAATC TTCTCAAGAA 2160
2160 CTGACAAATA TTTTTTTTTG TTTT TTTTGTGCG
CTGACAAATA TTTTTTTTTG TGTGTGTTAA TAAAATATCC TAAAACAAA
TTTTTGTGCG TGTGTGTTAA 2220
TAAAATATCC TAAAACAAA ATTAAAGGAG CAACGTTGCT GGAGATTAAG
2220 AAGTCATTCA AAGATGTGAA CAATGTTCTT
ATTAAAGGAG CAACGTTGCT 2280
GGAGATTAAG AAGTCATTCA TATGACTGGA CAACTTCACC TTCTTCGGAT
AAGATGTGAA CAATGTTCTT TATTGTGTCT GGAGAGGTGT GTCTTGTAAG
2280 2340
TATGACTGGA CAACTTCACC
TTCTTCGGAT TATTGTGTCT
GGAGAGGTGT
GTCTTGTAAG 2340

```

```

AATGTCACCT TCAATGTTGT AATGTCACCT TCAATGTTGT TGCTCTGTAA
TGCTCTGTAA GTTCTTTCAT GTTCTTTCAT TCCTTTAGAT TACTATTACA
TCCTTTAGAT TACTATTACA 2400

```

```

2400          GTGGTTTTTG GTGTTCTTGT GGGAAAAAGT
GTGGTTTTTG GTGTTCTTGT TGTAATTTGT TTTGTGTGTG TTTTCTATGT
GGGAAAAAGT TGTAATTTGT 2460
TTTGTGTGTG TTTTCTATGT TTTGTAGTAA TTTGTCAGAT TTGAATCTTG
2460          ATGGAGAAAT CTCACCTGCT ATTGGAGATC
TTTGTAGTAA TTTGTCAGAT 2520
TTGAATCTTG ATGGAGAAAT TCAAGAGTCT CTTGTCAATG TAACTGTTTC
CTCACCTGCT ATTGGAGATC AACATTCACT GTAGCATGAA ATAAAGTATC
2520          2580
TCAAGAGTCT CTTGTCAATG
TAACTGTTTC AACATTCACT
GTAGCATGAA ATAAAGTATC
2580

TTACTTTAAT TCTATTCCAC TTACTTTAAT TCTATTCCAC TCTCTGAGTT
TCTCTGAGTT GTGACTTTTG GTGACTTTTG TCTTCTGTTT TTTTCTAATG
TCTTCTGTTT TTTTCTAATG 2640
2640          TAGTGATCTG CGAGGTAATC GCTTGTCTGG
TAGTGATCTG CGAGGTAATC ACAAATCCCT GATGAGATTG GTGACTGTTC
GCTTGTCTGG ACAAATCCCT 2700
GATGAGATTG GTGACTGTTC TTCTTTGCAA AACTTGTAAG AACAGTGATT
2700          GGTGTTATTC TACCATTAAA CTTTGTTC
TTCTTTGCAA AACTTGTAAG 2760
AACAGTGATT GGTGTTATTC TAGAGGTTTT ATTTGATGAA GTGTGTTTCAT
TACCATTAAA CTTTGTTC GTTGTTTTTA ATTCAGAGAC TTATCCTTCA
2760          2820
TAGAGGTTTT ATTTGATGAA
GTGTGTTTCAT GTTGTTTTTA
ATTCAGAGAC TTATCCTTCA
2820

ATGAATTAAG TGGTGACATA ATGAATTAAG TGGTGACATA CCGTTTTCGA
CCGTTTTCGA TTTCGAAGTT TTTCGAAGTT GAAGCAACTT GAGCAGCTGT
GAAGCAACTT 2880
GAGCAGCTGT 2880 AAGTAGCTAG TTATTCTGCT ACTAGTCTTC
AAGTAGCTAG TTATTCTGCT ATATGTCATT GCTAAAAATA TACTCACCAT

```

ACTAGTCTTC ATATGTCATT 2940
 GCTAAAAATA TACTCACCAT GTGGAATATG GATTTTTACT TTGTCCAGGA
 2940 TTCTGAAGAA TAACCAATTG ATAGGACCGA
 GTGGAATATG GATTTTTACT 3000
 TTGTCCAGGA TTCTGAAGAA TCCCTTCAAC ACTTTCACAG ATTCCAAACC
 TAACCAATTG ATAGGACCGA TGAAAATTCT GTATGTTCCC CATGATTCTT
 3000 3060
 TCCCTTCAAC ACTTTCACAG
 ATTCCAAACC TGAAAATTCT
 GTATGTTCCC CATGATTCTT
 3060

ACATGTCTTA CTACTTTTAG ACATGTCTTA CTACTTTTAG CTATATAGGT
 CTATATAGGT GATCATA CAT GATCATA CAT GTGTAATTC AATTGCAGGG
 GTGTAATTC AATTGCAGGG 3120
 3120 ACTTGGCACA GAATAAACTC AGTGGTGAGA
 ACTTGGCACA GAATAAACTC TACCAAGACT TATTACTGG AATGAAGTTC
 AGTGGTGAGA TACCAAGACT 3180
 TATTACTGG AATGAAGTTC TTCAGTATCT GTAAGTGTC AATGTTTTTTG
 3180 AAGTCTGTCA ATGTCTCTTC ATTACCCGGT
 TTCAGTATCT GTAAGTGTC 3240
 ATGTTTTTTG AAGTCTGTCA GATAATTGTT GTACTATGAT GAGCAGTGGG
 ATGTCTCTTC ATTACCCGGT TTGCGAGGAA ACAACTTAGT CGGTAACATT
 3240 3300
 GATAATTGTT GTACTATGAT
 GAGCAGTGGG
 TTGCGAGGAA ACAACTTAGT
 CGGTAACATT 3300

TCTCCAGATT TGTGTCAACT TCTCCAGATT TGTGTCAACT GACTGGTCTT
 GACTGGTCTT TGGTATTTGT TGGTATTTGT GAGTCTTCTT GCACATCTGA
 GAGTCTTCTT GCACATCTGA 3360
 3360 ATAGTATGAT GAGTTCTTTT GTAAATATCA
 ATAGTATGAT GAGTTCTTTT AATATCTGAC TTTGTTTTGA TATTGAATCA
 GTAAATATCA AATATCTGAC 3420
 TTTGTTTTGA TATTGAATCA GTGACGTAAG AAACAACAGT TTGACTGGTA

```

3420          GTATACCTGA GACGATAGGA AATTGCACTG
GTGACGTAAG AAACAACAGT 3480
TTGACTGGTA GTATACCTGA CCTTCCAGGT TTTGTATGTG CCTCTTTCTC
GACGATAGGA AATTGCACTG TACTTCTAAA CATCATTACT GTAATTTGGG
3480          3540
CCTTCCAGGT TTTGTATGTG
CCTCTTTCTC TACTTCTAAA
CATCATTACT GTAATTTGGG
3540

TTACTTAAGA AAATCTACTT TTACTTAAGA AAATCTACTT AACTGGTTTG
AACTGGTTTG CTTATTACGA CTTATTACGA ACTCAGGGAC TTGTCCTACA
ACTCAGGGAC TTGTCCTACA 3600
3600          ATCAGCTAAC TGGTGAGATC CCTTTTGACA
ATCAGCTAAC TGGTGAGATC TCGGCTTCCT GCAAGTTGCA ACATTGTTAG
CCTTTTGACA TCGGCTTCCT 3660
GCAAGTTGCA ACATTGTTAG TTCTCACCTC TACTAATCTT TTGCTTTAAA
3660          TTTTGGCTAG CCTTTGTTTT CTTTAAAGA
TTCTCACCTC TACTAATCTT 3720
TTGCTTTAAA TTTTGGCTAG AGATCATTTT CTTATCTTAG ATCATTGCAA
CCTTTGTTTT CTTTAAAGA GGCAATCAAC TCTCTGGGAA GATTCCATCA
3720          3780
AGATCATTTT CTTATCTTAG
ATCATTGCAA GGCAATCAAC
TCTCTGGGAA GATTCCATCA
3780

GTGATTGGTC TCATGCAAGC GTGATTGGTC          TCATGCAAGC
CCTTGCAGTC TTGTAAGTAC CCTTGCAGTC TTGTAAGTAC TTTTCTTCTA
TTTCTTCTA ATCAATGAAG ATCAATGAAG 3840
3840          CTACTTATAA CATTTTCATG AACTTAGGTT
CTACTTATAA CATTTTCATG ATATGTTTTT TTTTACAGAG ATCTAAGTGG
AACTTAGGTT ATATGTTTTT 3900
TTTTACAGAG ATCTAAGTGG CAACTTGTTG AGTGGATCTA TTCCTCCGAT
3900          TCTCGGAAAT CTTACTTTCA CCGAGAAATT
CAACTTGTTG AGTGGATCTA 3960

```

TTCCTCCGAT TCTCGGAAAT GTAATTCTTT ACCTGTTTGT TTTCAGTTTG
CTTACTTTCA CCGAGAAATT GAGTCAAATG TCATACCATG TTAATGATAG
3960 4020

GTAATTCTTT ACCTGTTTGT
TTTCAGTTTG GAGTCAAATG
TCATACCATG TTAATGATAG
4020

TGATTTATCT TTTTGGCTTT TGATTTATCT TTTTGGCTTT ATCTCTAGGT
ATCTCTAGGT ATTTGCACAG ATTTGCACAG TAACAAGCTG ACTGGTTCAA
TAACAAGCTG ACTGGTTCAA 4080

4080 TTCCACCTGA GCTTGGAAAC ATGTCAAAAC
TTCCACCTGA GCTTGGAAAC TCCATTACCT GTATGACCAA CCTTCTCTTC
ATGTCAAAAC TCCATTACCT 4140

GTATGACCAA CCTTCTCTTC ACTTCTCTTT TTGCATACAG TCACTACTAA
4140 GTTGTGTTTC CTTATCAACT ATTTGTAAAA

ACTTCTCTTT TTGCATACAG 4200
TCACTACTAA GTTGTGTTTC TATTCATAGG GAACTCAATG ATAATCATCT
CTTATCAACT ATTTGTAAAA CACGGGTCAT ATACCACCAG
4200 AGCTTGGGAA 4260

TATTCATAGG GAACTCAATG
ATAATCATCT CACGGGTCAT
ATACCACCAG AGCTTGGGAA
4260

GCTTACTGAC TTGTTTGATC GCTTACTGAC TTGTTTGATC TGTAAGTAGT
TGTAAGTAGT TCTTCCTATG TCTTCCTATG CTTGACATGT TTTGATGTTT
CTTGACATGT TTTGATGTTT 4320

4320 TTATGCTTAT ATGAACTATG TACATATAGG
TTATGCTTAT ATGAACTATG AATGTGGCCA ACAATGATCT GGAAGGACCT
TACATATAGG AATGTGGCCA 4380

ACAATGATCT GGAAGGACCT ATACCTGATC ATCTGAGCTC TTGCACAAAT
4380 CTAAACAGCT TGTATGTATC TCTTTCTCTG
ATACCTGATC ATCTGAGCTC 4440

TTGCACAAAT CTAAACAGCT AAAACTTCTC ACTTGAATGT TCAAGATTGG
TGTATGTATC TCTTTCTCTG TGCTTTATAT GATTTTGTGT CTCATTAATG

4440 4500

AAAACTTCTC ACTTGAATGT
TCAAGATTGG TGCTTTATAT
GATTTTGTGT CTCATTAATG
4500

TAATGTAGAA ATGTTTCATGG TAATGTAGAA ATGTTTCATGG GAACAAGTTT
GAACAAGTTT AGTGGCACTA AGTGGCACTA TACCCCGAGC ATTTCAAAAAG
TACCCCGAGC ATTTCAAAAAG 4560

4560 CTAGAAAGTA TGACTIONACCT GTAAGTATCG
CTAGAAAGTA TGACTIONACCT ACGCTGAGAA TTTCTCTAAT CTTATATAAT
GTAAGTATCG ACGCTGAGAA 4620

TTTCTCTAAT CTTATATAAT ATATAGTTCC ACAGCGTTTG TTTTTTCGAA
4620 TTTCAAGTCA TTACTIONACTG AGTTTTTGGT

ATATAGTTCC ACAGCGTTTG 4680

TTTTTTCGAA TTTCAAGTCA TGCCTTTGAT TTATCGGTTC AACCAGTAAT
TTACTIONACTG AGTTTTTGGT CTGTCCAGCA ACAATATCAA AGGTCCAATC
4680 4740

TGCCTTTGAT TTATCGGTTC
AACCAGTAAT CTGTCCAGCA
ACAATATCAA AGGTCCAATC
4740

CCGGTTGAGC TATCTCGTAT CCGGTTGAGC TATCTCGTAT CGGTAACTTA
CGGTAACTTA GATACATTGT GATACATTGT AAGTGTTTCT TGTTTTCTGT
AAGTGTTTCT TGTTTTCTGT 4800

4800 GAAGTATACA TCATTATATG TGCCTTGTCT
GAAGTATACA TCATTATATG CACATTTATT AAATTTAATG ACATTTGAAG
TGCCTTGTCT CACATTTATT 4860

AAATTTAATG ACATTTGAAG GGATCTTTCC AACACAAGA TAAATGGAAT
4860 CATTCTTCT TCCCTTGGTG ATTTGGAGCA
GGATCTTTCC AACACAAGA 4920

TAAATGGAAT CATTCTTCT TCTTCTCAAG ATGTGAGCAT CCATAAGACC
TCCCTTGGTG ATTTGGAGCA TCCAGTTTAA TTGTTTATTT CTAGCAAAAAG
4920 4980

TCTTCTCAAG ATGTGAGCAT

CCATAAGACC TCCAGTTTTA
TTGTTTATTT CTAGCAAAAG
4980

ATGAAAATGG TTTGTGAACT ATGAAAATGG TTTGTGAACT CTTGCATTCT
CTTGCATTCT TGTTATAGGA TGTTATAGGA ACTTGAGTAG AAATCATATA
ACTTGAGTAG AAATCATATA 5040
5040 ACTGGTGTAG TTCCAGGCGA CTTTGGAAAT
ACTGGTGTAG CTAAGAAGCA TCATGGAAAT GTAAGAAGTT
TTCCAGGCGA CTTTGGAAAT 5100
CTAAGAAGCA TCATGGAAAT AACTTCTATC TGCTTGGTTA GAGTTTTTTT
GTAAGAAGTT 5100 CATTTATCTC AATTACTGTT CTGAATTTGT
AACTTCTATC TGCTTGGTTA 5160
GAGTTTTTTT CATTTATCTC GTGTTTGTGG TTGCAGAGAT CTTTCAAATA
AATTACTGTT CTGAATTTGT ATGATATCTC TGGCCCAATT CCAGAAGAGC
5160 5220
GTGTTTGTGG TTGCAGAGAT
CTTTCAAATA ATGATATCTC
TGGCCCAATT
CCAGAAGAGC 5220

TTAACCAATT ACAGAACATA TTAACCAATT ACAGAACATA ATTTTGCTGT
ATTTTGCTGT AAGCAATCTT AAGCAATCTT CCTCTTATCC CTTCCAAGCT
CCTCTTATCC CTTCCAAGCT 5280
5280 GTTAAGAAAT TGTTTTTGTA GAATGAAACT
GTTAAGAAAT TGTTTTTGTA AAAACTCTGT ATACACAATA ATGAGGTCAC
GAATGAAACT AAAACTCTGT 5340
ATACACAATA ATGAGGTCAC TATAGTGTGA TCCAGGAACA TGTATTGGGT
5340 TGGTGATCTA TCTAATGTTG TGTTTCTTAA
TATAGTGTGA TCCAGGAACA 5400
TGTATTGGGT TGGTGATCTA AATTGCTTGC AGGAGACTGG AAAATAATAA
TCTAATGTTG TGTTTCTTAA CCTGACTGGT AATGTTGGTT CATTAGCCAA
5400 5460
AATTGCTTGC
AGGAGACTGG AAAATAATAA
CCTGACTGGT AATGTTGGTT

CATTAGCCAA 5460

CTGTCTCAGT CTCACTGTAT CTGTCTCAGT CTCACTGTAT TGTAAGTAGG
 TGTAAGTAGG CACCTTTGGT CACCTTTGGT TCTGAAACAT TTTTGTCCC
 TCTGAAACAT TTTTGTCCC 5520
 5520 TCTTTGTGCA TCTTTTGCTA AGAATATAAC
 TCTTTGTGCA TCTTTTGCTA CCTGCAATCT TCACTAACTC TTATAGGAAT
 AGAATATAAC CCTGCAATCT 5580
 TCACTAACTC TTATAGGAAT GTATCTCATA ACAACCTCGT AGGTGATATC
 5580 CCTAAGAACA ATAACCTCTC AAGATTTTCA
 GTATCTCATA ACAACCTCGT 5640
 AGGTGATATC CCTAAGAACA CCAGACAGGT ATGGTAATTT AGCAGGTTTT
 ATAACCTCTC AAGATTTTCA GGTATTGTGC ATTTTGTTTT GTTTGCTAAT
 5640 5700
 CCAGACAGGT ATGGTAATTT
 AGCAGGTTTT GGTATTGTGC
 ATTTTGTTTT GTTTGCTAAT
 5700

ATCTATGTTT ATGTTTTTGG ATCTATGTTT ATGTTTTTGG ATAAAGCTTC
 ATAAAGCTTC ATTGGCAATC ATTGGCAATC CTGGTCTTTG CGGTAGTTGG
 CTGGTCTTTG 5760
 CGGTAGTTGG 5760 CTAAACTCAC CGTGTCATGA TTCTCGTCGA
 CTAAACTCAC CGTGTCATGA ACTGTACGAG GTGATTACAT TCTTCTAAAA
 TTCTCGTCGA ACTGTACGAG 5820
 GTGATTACAT TCTTCTAAAA GCTTCCATTC ACAAACCTA AGATAATTAA
 5820 AGCTCATGTT TCTATCCATG TTTTGTCTGC
 GCTTCCATTC ACAAACCTA 5880
 AGATAATTAA AGCTCATGTT AGTGTCAATC TCTAGAGCAG CTATTCTTGG
 TCTATCCATG TTTTGTCTGC AATAGCTATT GGGGGAATTG TGATCCTTCT
 5880 5940
 AGTGTCAATC TCTAGAGCAG
 CTATTCTTGG AATAGCTATT
 GGGGGAATTG
 TGATCCTTCT 5940

CATGGTCTTA ATAGCAGCTT	CATGGTCTTA ATAGCAGCTT
GCCGACCGCA TAATCCTCCT	GCCGACCGCA TAATCCTCCT
CCTTTTCTTG ATGGATCACT	CCTTTTCTTG ATGGATCACT
6000	6000
TGACAAACCA GGTCTACTCT	TGACAAACCA GGTCTACTCT
TTACGAATGT TCTTCACCTA	TTACGAATGT TCTTCACCTA
CAATGTAATC	CAATGTAATC
6060	6060
CAATAGTTAA TCCTTAAATT	CAATAGTTAA TCCTTAAATT
TCCTGGTGAC ATCAGTAACT	TCCTGGTGAC ATCAGTAACT
TATTCGACAC CGAAGCTCGT	TATTCGACAC CGAAGCTCGT
6120	6120
CATCCTTCAT ATGAACATGG	CATCCTTCAT ATGAACATGG
CACTCCACGT TTACGAGGAT	CACTCCACGT TTACGAGGAT
ATCATGAGAA TGACAGAGAA	ATCATGAGAA TGACAGAGAA
6180	6180

TCTAAGTGAG AAGTATATCA	TCTAAGTGAG AAGTATATCA
TTGGGCACGG	TTGGGCACGG
AGCATCAAGC ACTGTATACA	AGCATCAAGC ACTGTATACA
AATGTGTTTT 6240	AATGTGTTTT 6240
GAAGAATTGT AAACCGGTTG	GAAGAATTGT AAACCGGTTG
CGATTAAGCG GCTTTACTCT	CGATTAAGCG GCTTTACTCT
CACAACCCAC AGTCAATGAA	CACAACCCAC AGTCAATGAA
6300	6300
ACAGTTTGAA ACAGAACTCG	ACAGTTTGAA ACAGAACTCG
AGATGCTAAG TAGCATCAAG	AGATGCTAAG TAGCATCAAG
CACAGAAATC TTGTGAGCCT	CACAGAAATC TTGTGAGCCT
6360	6360
ACAAGCTTAT TCCCTCTCTC	ACAAGCTTAT TCCCTCTCTC
ACTTGGGGAG TCTTCTGTTC	ACTTGGGGAG TCTTCTGTTC
TATGACTATT TGGAAAATGG	TATGACTATT TGGAAAATGG
6420	6420

TAGCCTCTGG GATCTTCTTC	TAGCCTCTGG GATCTTCTTC
ATGGTAAGTC TCATCGCCAA	ATGGTAAGTC TCATCGCCAA
	ACATAGAAAA TTATTTGAAT

ACATAGAAAA TTATTTGAAT 6480
 6480 CTTCTGTGAC ATAACAACTT GCTTGTGTGT
 CTTCTGTGAC ATAACAACTT TTTGTAAAGG CCCTACGAAG AAAAAGACTC
 GCTTGTGTGT TTTGTAAAGG 6540
 CCCTACGAAG AAAAAGACTC TTGATTGGGA CACACGGCTT AAGATAGCAT
 6540 ATGGTGCAGC ACAAGGTTTA GCTTATCTAC
 TTGATTGGGA CACACGGCTT 6600
 AAGATAGCAT ATGGTGCAGC ACCATGACTG TAGTCCAAGG ATCATTCA
 ACAAGGTTTA GCTTATCTAC GAGACGTGAA GTCGTCCAAC
 6600 ATTCTCTTGG 6660
 ACCATGACTG TAGTCCAAGG
 ATCATTCA GAGACGTGAA
 GTCGTCCAAC ATTCTCTTGG
 6660

ACAAAGACTT ACAAAGACTT AGAGGCTCGT TTGACAGATT
 AGAGGCTCGT TTGACAGATT TTGGAATAGC GAAAAGCTTG TGTGTGTCAA
 TTGGAATAGC GAAAAGCTTG 6720
 TGTGTGTCAA 6720 AGTCACATAC TTCAACTTAC GTGATGGGCA
 AGTCACATAC TTCAACTTAC CGATAGGTTA CATAGACCCC GAGTATGCTC
 GTGATGGGCA CGATAGGTTA 6780
 CATAGACCCC GAGTATGCTC GCACTTCACG GCTCACTGAG
 6780 AAATCCGATG TCTACAGTTA TGGAATAGTC
 GCACTTCACG CTTCTTGAGT 6840
 GCTCACTGAG AAATCCGATG TGTAAACCCG AAGGAAAGCC
 TCTACAGTTA TGGAATAGTC GTTGATGACG AATCCAATCT CCACCATCTG
 CTTCTTGAGT 6840 GTTTGTTCTT 6900
 TGTTAACCCG
 AAGGAAAGCC
 GTTGATGACG AATCCAATCT
 CCACCATCTG GTTTGTTCTT
 6900

TCTTGCCTAT CTCTCTCAGC TCTTGCCTAT CTCTCTCAGC TGCTCTGTTT
 TGCTCTGTTT AGGTCAAGTC AGGTCAAGTC CGTAATCTTG TTTTCATTGA
 CGTAATCTTG TTTTCATTGA 6960

6960 TTCACCTACA TCAGATAATG TCAAAGACGG
 TTCACCTACA TCAGATAATG GGAACAATGA AGTGATGGAA ATGGCAGATC
 TCAAAGACGG 7020
 GGAACAATGA AGTGATGGAA CAGACATCAC ATCGACGTGT AAAGATCTCG
 ATGGCAGATC 7020 GTGTGGTGAA GAAAGTTTTTC
 CAGACATCAC ATCGACGTGT CAACTGGCAC 7080
 AAAGATCTCG TCCTATGCAC CAAAAGACAG CCGAATGATC
 GTGTGGTGAA GAAAGTTTTTC GACCCACAAT GCACCAGGTG
 CAACTGGCAC 7080 ACTCGTGTTT 7140
 TCCTATGCAC CAAAAGACAG
 CCGAATGATC GACCCACAAT
 GCACCAGGTG
 ACTCGTGTTT 7140

TCGGCAGTTT TATGCTATCG TCGGCAGTTT TATGCTATCG GAACAACCAC
 GAACAACCAC CTGCTGCGAC TGACACGTCA
 CTGCTGCGAC GCGACGCTGG 7200
 TGACACGTCA CTGGTTCGTG CTACGTCGAT GAGTATGCAA
 GCGACGCTGG 7200 ATCTCAAGAC TCCTCATTCT GTCAATTGCT
 CTGGTTCGTG CTACGTCGAT 7260
 GAGTATGCAA ATCTCAAGAC CTTCCATGAG TGCTTCTGAT GCTCAACTGT
 TCCTCATTCT GTCAATTGCT TTCTTCGGTT TGGACAAGTT ATTTCTCAGA
 7260 7320
 CTTCCATGAG TGCTTCTGAT ACAGTGAGTA GTTTTTTCGTT AGGAGGAGAA
 GCTCAACTGT TTCTTCGGTT TCTTTAAAC GGTATCTTTT CGTTGCGTTA
 TGGACAAGTT ATTTCTCAGA 7380
 7320
 ACAGTGAGTA GTTTTTTCGTT
 AGGAGGAGAA TCTTTAAAC
 GGTATCTTTT CGTTGCGTTA
 7380

AGCTGTTAGA AAAATTAATG AGCTGTTAGA AAAATTAATG TCTCATGTAA
 TCTCATGTAA AGTATTATGC AGTATTATGC ACTGCCTTAT TATTATTAGA
 ACTGCCTTAT TATTATTAGA 7440
 7440 CAAGTGTGTG GTGTGAATAT GTCTTCAGAC

CAAGTGTGTG GTGTGAATAT TGGCACTTAG ACTTCCTATA AGTTCTTGCC
 GTCTTCAGAC TGGCACTTAG 7500
 ACTTCCTATA AGTTCTTGCC TATCTAAGTT TTTCTAAATT GGGTTATTCT
 7500 TGTAACATAT CTTAGATCTA GTACTCAACA
 TATCTAAGTT TTTCTAAATT 7560
 GGGTTATTCT TGTAACATAT CCACGTCACC ACCACAAAAG ATTTCTTATG
 CTTAGATCTA GTACTCAACA CTCAAAAACA TATACATAGA AAGAACCTTC
 7560 7620
 CCACGTCACC
 ACCACAAAAG ATTTCTTATG
 CTCAAAAACA TATACATAGA
 AAGAACCTTC 7620

TAAACTACGA GAAACGTTTT TAAACTACGA GAAACGTTTT GCTATGTAGT
 GCTATGTAGT GTTATATGTC GTTATATGTC AACCACGTCT ATGAGAGTGC
 AACCACGTCT 7680
 ATGAGAGTGC 7680 AAACGATAGG TTAATAAGTT TTCTCACTTG
 AAACGATAGG TTAATAAGTT GCAATAAAAA TGATAAACAA ATATATTGTC
 TTCTCACTTG GCAATAAAAA 7740
 TGATAAACAA ATATATTGTC TGATTAATTT ATTTTATATA GTTTTTTTAT
 7740 AATTTCTTAT ATTAATTCGA ACTCATACAG
 TGATTAATTT ATTTTATATA 7800
 GTTTTTTTAT AATTTCTTAT CGCGTGAGAC TTTCTAGTTT AGTATAAAGT
 ATTAATTCGA ACTCATACAG ACGTATTTTT GCAAAATCAA AATCGTAAAT
 7800 7860
 CGCGTGAGAC TTTCTAGTTT
 AGTATAAAGT ACGTATTTTT
 GCAAAATCAA AATCGTAAAT
 7860

ACATACATTT TAAAATGTGA ACATACATTT TAAAATGTGA AAAAAGATAA
 AAAAAGATAA ATCCGTACAC ATCCGTACAC CATTAAAAA TGGCATT TTC
 CATTAAAAA TGGCATT TTC 7920
 7920 CTAAGATTTT TTTCAAAAAA GGCATTTTAT
 CTAAGATTTT TTTCAAAAAA ACAAGAACTA ATTACTACAA CTAAAATCTA
 GGCATTTTAT ACAAGAACTA 7980

ATTACTACAA CTAAAATCTA CTAAC TTTGG TTTTATGTA TACATTTACG
 7980 AGAGTCTACA CAAAAAAAT ACATAAAAGA
 CTAAC TTTGG TTTTATGTA 8040
 TACATTTACG AGAGTCTACA AGAAGTAGTA AATAATTAAA ACGTAAAAAA
 CAAAAAAAT ACATAAAAGA AAAGACTTTT CAAGAAGGCA
 8040 GAAGAGTAGC 8100
 AGAAGTAGTA AATAATTAAA
 ACGTAAAAAA AAAGACTTTT
 CAAGAAGGCA
 GAAGAGTAGC 8100

ACTGTTGTGC GATTGTAAAA ACTGTTGTGC GATTGTAAAA TCGTCTTGAT
 TCGTCTTGAT TGTTGTTTAT TGTTGTTTAT CCCACTGATA AGCCTACCCT
 CCCACTGATA AGCCTACCCT 8160
 8160 TTTCAAACT TGTTCTAAGT TTAAATTCTA
 TTTCAAACT TGTTCTAAGT TTTTGAACA TGACATACAG TATAAGGCTT
 TTAAATTCTA TTTTGAACA 8220
 TGACATACAG TATAAGGCTT TTAAAGATA TCATCTTGAT TTTGTTTCTT
 8220 CCACAGGGAA GCCCTATCCT TTCTTACATA
 TTAAAGATA TCATCTTGAT 8280
 TTTGTTTCTT CCACAGGGAA ATCTTTGTTA GATAATTTT TATTATTTTC
 GCCCTATCCT TTCTTACATA AAAAAAATA AAATTGAACA TAAGTTTCT
 8280 8340
 ATCTTTGTTA GATAATTTT
 TATTATTTTC AAAAAAATA
 AAATTGAACA TAAGTTTCT
 8340

CAAAGTAATA TGTTCTAACA CAAAGTAATA TGTTCTAACA ATAATAAACA
 ATAATAAACA TAATATCATT TAATATCATT TTTTGT TTTT AAATAA
 TTTTGT TTTT AAATAA 8400
 8400 GGACTAACAT GGTAAGT TGCAATATAT
 GGACTAACAT GGTAAGT AAATGATAAT TTAACTAAA AATTAGAATA
 TGCAATATAT AAATGATAAT 8460
 TTAACTAAA AATTAGAATA TGGTAACTTT TTCTTCAACA ACATGCCACA
 8460 TTCGGCTACA TGCCACTAG GAAGTGTTAT

TGGTAACTTT TTCTTCAACA 8520
 ACATGCCACA TTCGGCTACA TATAGAATCG TTAATGTTGG GTACGCTTAT
 TGTCCACTAG GAAGTGTTAT GAAATTATCA ATGTTTGCTT AAATCTATGC
 8520 8580

TATAGAATCG TTAATGTTGG
 GTACGCTTAT GAAATTATCA
 ATGTTTGCTT AAATCTATGC
 8580

TTAGAAAATT ACCAATATTA TTAGAAAATT ACCAATATTA CCTTAAAACT
 CCTTAAAACT ATATTTACGA ATATTTACGA ATGACCAATA TTGCTTAGAA
 ATGACCAATA TTGCTTAGAA 8640
 8640

CTATGCTTAT GAAATTACCA AAAACTTAAA CACAAAACTC ATATTTTCTT
 ATATTTTCTT AAAACTTAAA 8700
 CACAAAACTC TTTAACAAAA AAAACTTTAT TTTTATTTT ATTTTTTTGG
 8700 CAAAAAATAA AACTTTATTT ATAAAGTGAA

AAAACTTTAT TTTTATTTT 8760
 ATTTTTTTGG CAAAAAATAA AGTCTCCAGA TAATTTTGAA TTTCATTTTT
 AACTTTATTT ATAAAGTGAA CCAGTTTTTA TTTAGAATAA TTTTCTTCA
 8760 8820

AGTCTCCAGA TAATTTTGAA
 TTTCATTTTT CCAGTTTTTA
 TTTAGAATAA TTTTCTTCA
 8820

TTTACAAAAT AAAAGAAAAC TTTACAAAAT AAAAGAAAAC CCTAGGGTTT
 CCTAGGGTTT AGGGTTTAGG AGGGTTTAGG GTTTAGGAAA AAGCGATGAT
 GTTTAGGAAA AAGCGATGAT 8880

8880 ATATTAATTG TTATGAAATG TTTTAAAA
 ATATTAATTG TTATGAAATG AATAGTTAAC CAAACATTTT TTAAAGAGA
 TTTTAAAA AATAGTTAAC 8940

CAAACATTTT TTAAAGAGA GTTTAGTTTC ACAAGGCATT TGTAATTAG
 8940 AGTAATTATC AATAAAAATG GAAGACAATC

GTTTAGTTTC ACAAGGCATT 9000
 TGTAATTAG AGTAATTATC TAATTATTAT TTAGCAAAAA CTATATTAG

AATAAAAATG GAAGACAATC GAAAATTAGT TAAAGTTTAG AAATATATCA
9000 9060

TAATTATTAT TTAGCAAAAA
CTATATTTAG GAAAATTAGT
TAAAGTTTAG AAATATATCA
9060

TCATAGTGTC AACTAATTA TCATAGTGTC AACTAATTA AAATTATTTA
AAATTATTTA ATTTTGTGAT ATTTTGTGAT ATACGTGATC ATATAATTTT
ATACGTGATC ATATAATTTT 9120

9120 ATGAATATTT AATATTATGA TACATGTAAC
ATGAATATTT AATATTATGA TCAGTAAACC TAAATTTAGA AGAAAAGTCA
TACATGTAAC TCAGTAAACC 9180

TAAATTTAGA AGAAAAGTCA AAATAATCAT AACCAATTTA GATTCAACTT
9180 CTACTTTTGT TCCAAGAAAA AACACATGG
AAATAATCAT AACCAATTTA 9240

GATTCAACTT CTACTTTTGT TTTGTTTTGT GGGATACTAA TGACATCTAT
TCCAAGAAAA AACACATGG CAAAATCTAT GAAACCAAAT CTAGA
9240 9295

TTTGTTTTGT GGGATACTAA
TGACATCTAT CAAAATCTAT
GAAACCAAAT CTAGA
9295

配列番号 : 3
配列の長さ : 18
配列の型 : 核酸
鎖の数 : 一本鎖

Sequence number: 3
Sequence length: 18
Sequence type: Nucleic acid
The number of strands: Single strand

トポロジー : 直鎖状
配列の種類 : 他の核酸 合成
DNA
アンチセンス : NO
配列 :

Topology: Linear
Type of sequence: Other nucleic acid
Synthetic DNA
Antisense: NO
Sequence :

TATCTAAAAA CGCAGTCG TATCTAAAAA CGCAGTCG 18

18

配列番号 : 4

配列の長さ : 18

配列の型 : 核酸

Sequence number: 4

Sequence length: 18

Sequence type: Nucleic acid

鎖の数 : 一本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : 他の核酸 合成
DNA

アンチセンス : YES

The number of strands: Single strand

Topology: Linear

Type of sequence: Other nucleic acid
Synthetic DNA

Antisense: YES

配列 :

AAGATTCTCC TCCTAACG AAGATTCTCC TCCTAACG 18

18

Sequence :

【図面の簡単な説明】**[BRIEF DESCRIPTION OF THE DRAWINGS]****【図 1】**

実施例で得られた形態制御遺伝子クローンの制限酵素地図。

[FIG. 1]

The restriction enzyme map of the form regulatory-gene clone obtained in the Example.

【図 2】

制限酵素地図及びサザン解析から推定された染色体DNA断片上の T-DNA 挿入部位を示す図。

[FIG. 2]

The figure showing the T-DNA insertion site on the chromosomal DNA fragment presumed from a restriction enzyme map and Southern analysis.

【図 3】

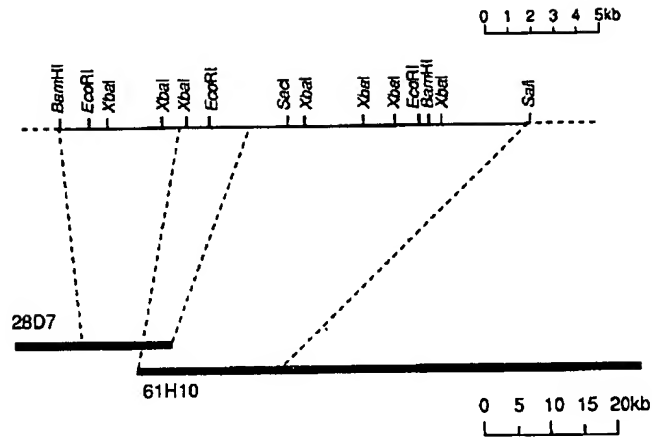
T-DNA 挿入部位近傍配列のサブクローンの位置を示す図。

[FIG. 3]

The figure showing the position of the subclone of a sequence near the T-DNA insertion site.

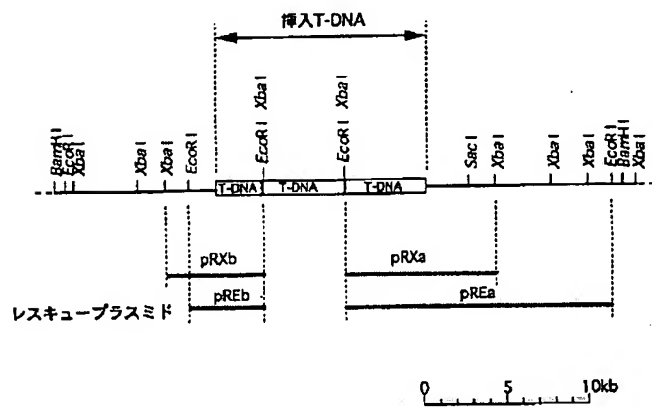
【図 1】

[FIG. 1]



【図 2】

[FIG. 2]

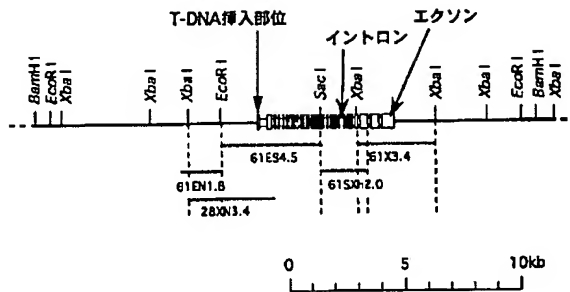


挿入: Insert

レスキュープラスミド: Rescue plasmid

【図 3】

[FIG. 3]



T-DNA 挿入部位: T-DNA inserting portion

イントロン: Intron

エクソン: Exon

THOMSON SCIENTIFIC TERMS AND CONDITIONS

Thomson Scientific Ltd shall not in any circumstances be liable or responsible for the completeness or accuracy of any Thomson Scientific translation and will not be liable for any direct, indirect, consequential or economic loss or loss of profit resulting directly or indirectly from the use of any translation by any customer.

Thomson Scientific Ltd. is part of The Thomson Corporation

Please visit our website: ["www.THOMSONDERWENT.COM"](http://www.THOMSONDERWENT.COM) (English)
["www.thomsonscientific.jp"](http://www.thomsonscientific.jp) (Japanese)